

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2005 年 10 月 6 日 (06.10.2005)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2005/093063 A1

(51) 国際特許分類: C12N 15/09, A61K
39/395, 45/00, 48/00, A61P 35/00, C07K 14/82, C12Q
1/68, G01N 33/53, 33/574

(21) 国際出願番号: PCT/JP2005/006222

(22) 国際公開日: 2005 年 3 月 24 日 (24.03.2005)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2004-095732 2004 年 3 月 29 日 (29.03.2004) JP

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 株式会社医学微生物学研究所 (MEDICAL BIOLOGICAL LABORATORIES CO., LTD.) [JP/JP]; 〒4600002 愛知県名古屋市中区丸の内 3 丁目 5 番 10 号 住友商事丸の内ビル 5F Aichi (JP).

(71) 出願人 および

(72) 発明者: 島田 英昭 (SHIMADA, Hideaki) [JP/JP]; 〒2720812 千葉県市川市若宮 1-13-6 Chiba (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 朝長 毅 (TOMON-AGA, Takeshi) [JP/JP]; 〒2600033 千葉県千葉市中央区春日 2-5-10 西千葉ビルズ 春日 405 号 Chiba (JP). 日
和佐 隆樹 (HIWASA, Takaki) [JP/JP]; 〒2600808 千葉県千葉市中央区星久喜町 1063-28 Chiba (JP). 松下一
之 (MATSUSHITA, Kazuyuki) [JP/JP]; 〒2600851 千葉県千葉市中央区矢作町 540-36 Chiba (JP). 落合 武徳
(OCHIAI, Takenori) [JP/JP]; 〒2600034 千葉県千葉市

中央区汐見が丘 7-15 Chiba (JP). 野村 文夫 (NOMURA, Fumio) [JP/JP]; 〒2640033 千葉県千葉市若葉区都賀の台 1-20-11 Chiba (JP). 瀧口 正樹 (TAKIGUCHI, Masaki) [JP/JP]; 〒2740824 千葉県船橋市前原東 1-14-17-107 Chiba (JP).

(74) 代理人: 平木 祐輔, 外 (HIRAKI, Yusuke et al.); 〒1050001 東京都港区虎ノ門 4 丁目 3 番 20 号 神谷町 MTビル 19 階 Tokyo (JP).

(81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:
— 国際調査報告書

2 文字コード及び他の略語については、定期発行される各 PCT ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: KIT FOR SOLID CANCER DIAGNOSIS AND MEDICINE FOR SOLID CANCER THERAPY

(54) 発明の名称: 固形癌診断キット及び固形癌治療用医薬

(57) Abstract: A novel solid cancer antigen protein; and using this antigen protein, a kit for solid cancer diagnosis and agent for solid cancer therapy. In particular, there is provided a human solid cancer antigen polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NOS: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 48, 50, 52, 54, 56, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73 and 75.

(57) 要約: 本発明は、新規な固形癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固形癌診断キット及び固形癌治療剤を提供する。より具体的には、本発明は、配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチドを提供する。



WO 2005/093063 A1

明 細 書

固形癌診断キット及び固形癌治療用医薬

5 技術分野

本発明は、固形癌診断キット及び固形癌の予防又は治療用医薬に関する。

背景技術

食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、
10 尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等の固形癌はいずれも悪
性の腫瘍であり、特に進行性の固形癌は治療が困難で多くの場合に致命的となる。
従って、固形癌に対する対策としては癌腫の早期発見が最も重要な課題である。

上記の固形癌の診断及び予後の観察には、従来から腫瘍マーカーとしてC E A、
C A 1 9 - 9 等が報告され、用いられている。しかしながら、いずれも陽性率は
15 2 0 ~ 3 0 %程度にすぎず、特に早期癌においてはほとんどのマーカーが陰性を
示す。また、上述のように進行した固形癌は治療成績が不良であり、早期発見が
最も大きな効果をもたらすことから、新規かつ有用な腫瘍マーカーを発見するこ
とが期待されている。

なお、抗原タンパク質マーカーを用いた分子生物学的診断方法としては、例え
20 ば特開平7-51065号公報、再表00/060073号公報及び特表200
0-511536号公報が知られている。また、担癌患者の腫瘍細胞のmRNA
から作製したタンパク質を患者の自己血清でスクリーニングするS E R E X法
(serological identification of antigens by recombinant expression cloning)
が報告され(Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:11810-11813, 1995 及び米国特許
25 第5, 698, 396号)、悪性黒色腫、腎癌、食道癌、大腸癌、肺癌等において
I g G抗体が認識する癌抗原を、上記S E R E X法により単離した報告もなされ
ている(Int. J. Cancer 72: 965-971, 1997; Cancer Res. 58:1034-1041, 1998;
Int. J. Cancer 29:652-658, 1998; Int. J. Oncol. 14:703-708, 1999; Cancer Res.
56:4766-4772, 1996; Hum. Mol. Genet 6:33-39, 1997)。さらに、特開2001

ー 3 3 3 7 8 2 号公報には、S E R E X法によって特定した悪性黒色腫抗原タンパク質とそれをコードするDNA配列、並びにこれらを使用した悪性黒色腫の診断方法が開示されている。しかしながら、固形癌の診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせ

5 わせて使用することが不可欠である。

一方、固形癌の治療方法としては、癌組織の外科的な切除や全身性の抗癌剤投与等が行われている。しかしながら、前記のとおり、進行性に移行した固形癌の場合にはこれらの治療法も効果は少なく、また早期に発見した場合であっても、これらの治療法は患者に大きな身体的負担を負わせるという問題を有している。

10

発明の開示

上述したように、固形癌の早期診断のための方法として、癌組織特異的な抗原タンパク質マーカーを用いた分子生物学的診断方法の有効性が指摘されており、そのための新しい抗原タンパク質マーカーも幾つか提案されている。しかしながら

15 ら、その診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせて使用することが不可欠である。

また、それらの抗原タンパク質マーカーは固形癌組織で優勢に発現するため、癌組織のみを標的とする治療法への応用も期待される。

従って、本発明は、新規な固形癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に

20 基づく固形癌診断キット及び固形癌治療剤を提供することを目的とする。

本発明者は、上記課題を解決するため鋭意検討を行った結果、ヒト固形癌に特異的な新規な抗原ポリペプチドを見出し、この抗原ポリペプチドの発現を利用することによって、固形癌を診断し、また固形癌の予防及び治療を行うことができるという知見を得、本発明を完成するに至った。

すなわち、本発明は、配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチドである。

また本発明は、上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドである。

本発明はまた、配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、
5 45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドである。

さらに本発明は、被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒ
10 ト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌診断キットである。

15 また本発明は、被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、6
20 2、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌診断キットである。

上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段としては、該固形癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチド、該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び該固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若
25 しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブが挙げられる。

また、上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段は、固相上に固定化されていてもよいし、及び／又は標識されていてもよい。

上記固形癌としては、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌が含まれる。

また上記サンプルは、例えば血清、血液、血液細胞及び組織が含まれる。

本発明はまた、1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原
5 ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、
22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、
48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、
73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする
固形癌の予防又は治療用医薬である。

10 また本発明は、1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制
するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原
ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、
21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、
45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、
15 66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポ
リヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌の予防又は治療用医
薬である。

上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段として
は、該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、該固形癌抗原ポリペプチドをコー
20 ドする遺伝子の転写を抑制可能な手段、及び該固形癌抗原ポリペプチドをコード
する遺伝子の翻訳を抑制可能な手段が挙げられる。

さらに本発明は、固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固
形癌にターゲティングする手段とを含む、固形癌の予防又は治療用医薬である。

上記ヒト固形癌にターゲティングする手段としては、固形癌抗原ポリペプチド
25 に対する抗体、及び固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発
現制御領域の塩基配列が挙げられる。

図面の簡単な説明

図1Aは、大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的

発現の比較を示す。

図 1 B は、大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す。

図 2 は、配列番号 4 1 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 3 は、配列番号 4 3 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

10 図 4 は、配列番号 4 5 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 5 は、配列番号 4 6 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 6 は、配列番号 4 7 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

20 図 7 は、配列番号 4 9 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 8 は、配列番号 5 1 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

25 図 9 は、配列番号 5 3 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 10 は、配列番号 5 5 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析

の結果である。

図 1 1 は、配列番号 5 7 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

5 図 1 2 は、配列番号 5 8 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 1 3 は、配列番号 6 0 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析
10 の結果である。

図 1 4 は、配列番号 6 2 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 1 5 は、配列番号 6 4 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原
15 ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 1 6 は、配列番号 6 6 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

20 図 1 7 は、配列番号 6 8 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 1 8 は、配列番号 7 0 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析
25 の結果である。

図 1 9 は、配列番号 7 2 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

図 2 0 は、配列番号 7 4 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原

ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

発明を実施するための最良の形態

- 5 以下、本発明を詳細に説明する。本願は、2004年3月29日に出願された日本国特許出願第2004-95732号の優先権を主張するものであり、上記特許出願の明細書及び／又は図面に記載される内容を包含する。

1. 新規なヒト固形癌抗原ポリペプチド

- 10 本発明は、ヒト固形癌に特異的な新規抗原ポリペプチドに基づくものである。本発明者らは、大腸癌患者の手術標本の正常部と癌部から患者本人の了解を得てタンパク質を抽出し、二次元電気泳動法（例えば、Electrophoresis 22:3019-3025, 2001）により解析することによって、固形癌細胞において特異的に発現し、従来は腫瘍マーカーとしての機能が知られていなかった20種の抗原ポリペプチド
- 15 （表1の1～20番に示す）を見出した（実施例1参照）。また食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の了解を得て採取した血清をSEREX法（Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:11810-11813, 1995；米国特許第5,698,396号）によって解析し、食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の血清中にのみ存在する19種の特異的抗体に対する抗原ポリペプチド（表1の21～39番に示す）を見出した（実
- 20 施例2参照）。これらの固形癌抗原ポリペプチドを表1に示す。

表 1

No.	名称	登録番号	塩基配列	アミノ酸配列	クローン名
1	リンゴ酸デヒドロゲナーゼ 2	NP_005909, NM_005918	1	2	
2	トロポミオシン 4	NP_003281, NM_003290	3	4	
3	FK506 結合タンパク質 4	NP_002005, NM_002014	5	6	
4	シャペロニン含有 TCP1, サブユニット 6A	NP_001753, NM_001762	7	8	
5	セリンプロテアーゼインヒビター, クレード H, コラーゲン結合タンパク質 1	NP_001226, NM_001235	9	10	
6	硫化物デヒドロゲナーゼ様	NP_067022, NM_021199	11	12	
7	ヒドロキシステロイド(17- β)デヒドロゲナーゼ 4	NP_000405, NM_000414	13	14	
8	ストレス誘導性リンタンパク質 1	NP_006810, NM_006819	15	16	
9	異種核リボ核タンパク質 L	NP_001524, NM_001533	17	18	
10	異種核リボ核タンパク質 U	NP_004492, NM_004501	19	20	
11	マトリン 3	NP_061322, NM_018834	21	22	
12	アネキシン A3	NP_005130, NM_005139	23	24	
13	PTK9L タンパク質チロシンキナーゼ 9 様	NP_009215, NM_007284	25	26	
14	スプライシング因子, アルギニン/セリンリッチ 1	NP_008855, NM_006924	27	28	
15	チオ硫酸スルフートランスフェラーゼ	NP_003303, NM_003312	29	30	
16	S-アデノシルホモシステインヒドロラーゼ	NP_000678, NM_000687	31	32	
17	GDP-マンノース 4,6-デヒドラターゼ	NP_001491, NM_001500	33	34	
18	ヒドロキシアシルデヒドロゲナーゼ, サブユニット A	NP_000173, NM_000182	35	36	
19	プロリル-4-ヒドロキシラーゼ β サブユニット	NP_000909, NM_000918	37	38	
20	ペルオキシレドキシン 5	NP_036226, NM_012094	39	40	
21	プロゲステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	41	42	K35-1-1
22	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニン キナーゼ2	NM_199054	43	44	K30-1-1
23	EST: 601191782F1	BE264462	45		12N3-1
24	EST: 602301679F1	BG032310	46		12O1-1

25	付加的性櫛類似1	NM_015338	47	48	14A1-1-1
26	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	49	50	18G3-1
27	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	51	52	19C1-1
28	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	53	54	19F1-1
29	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	55	56	19F1-2
30	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	57		6BD3-1
31	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	58	59	14H1-2-1
32	リソソーム結合タンパク質膜貫通4ベータ	NM_018407	60	61	18B2-1
33	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット、 α アイソフォーム	NM_002708	62	63	18G1-1
34	ペルオキシレドキシン3	NM_006793	64	65	20J4-1
35	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	66	67	19M2
36	ユビキチン結合酵素 E2I	BC000744	68	69	10Q3-1
37	ホスファチジン酸ホスファターゼ、タイプ 2C	NM_003712	70	71	14A1-1-2
38	ベータカテニン相互作用タンパク質1	NM_020248	72	73	14B1-2-1
39	ソーティングネキシン15	NM_147777	74	75	14H2-1-1

なお、本発明において、「ポリペプチド」とは、アミド結合（ペプチド結合）によって互いに結合した複数個のアミノ酸残基から構成された分子を意味し、タンパク質及びペプチドを含む。「ポリヌクレオチド」とは、プリン又はピリミジンが糖に β -N-グリコシド結合したヌクレオシドのリン酸エステル（ATP、GTP、CTP、UTP；又はdATP、dGTP、dCTP、dTTP）が結合した分子をいう。

また、表1にそれぞれ示した塩基配列及びアミノ酸配列については、1若しくは数個の塩基の付加、欠失、他の塩基への置換、あるいはこれらの塩基変異に基づく1若しくは数個のアミノ酸残基の付加、欠失及び他のアミノ酸への置換をも包含する。

さらに、「血清中抗体」とは、固形癌患者の血清中に存在し、固形癌抗原ポリペプチドと結合する抗体IgGを意味する。また、「抗体」は、固形癌抗原ポリペプチド又はその部分断片を免疫原として作製されたポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体を意味する。

本発明におけるその他の用語や概念は、発明の実施形態の説明や実施例において詳しく規定する。また本発明を実施するために使用する様々な技術は、特にその出典を明示した技術を除いては、公知の文献等に基づいて当業者であれば容易

かつ確実に実施可能である。例えば、本発明に係る医薬を調製するための薬剤の調製は Remington's Pharmaceutical Sciences, 18th Edition, ed. A. Gennaro, Mack Publishing Co., Easton, PA, 1990 に、遺伝子工学及び分子生物学的技術は Sambrook and Maniatis, Molecular Cloning-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1989; Ausubel, F. M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York, N.Y, 1995 等に記載されている。

固形癌抗原ポリペプチドとは、表 1 に示した 39 種の遺伝子又は E S T (Expressed Sequence Tag) が発現するポリペプチドである。これらの遺伝子産物については様々な機能が知られているが、固形癌における特異的発現は知られていない。なお、本発明においては、E S T の発現産物は「配列番号 45、46 又は 57 に示した塩基配列からなるポリヌクレオチドがコードするポリペプチド」と定義する。

なお、実施例に示したように、配列番号 1～40 に示した遺伝子及びペプチドは二次元電気泳動法によって、配列番号 41～75 の遺伝子、E S T 及びペプチドは S E R E X 法によって特定されたものである。

2. 固形癌診断キット

上述の通り、表 1 に示す固形癌抗原ポリペプチドは、ヒト固形癌において特異的に発現する。従って、被験者由来のサンプルにおいてこの固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することによって、被験者をヒト固形癌について診断することが可能となる。

本発明に係る固形癌診断キット（以下、「本固形癌診断キット」ともいう）は、被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含むものである。

本固形癌診断キットは、固形癌の診断を行うための試薬キットである。このようなキットは、被検成分の種類に応じて各種のものが市販されており、本固形癌診断キットも、ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段（固形癌抗原ポリペプチド、抗体、プライマー、プローブなど）を用いることを除き、

公知公用のキットに用いられている各要素によって構成することができる。

- また、本固形癌診断キットにより、固形癌、例えば限定するものではないが、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等について被験者を診断することが可能である。好ましくは、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌の診断のために用いることができる。

ここで固形癌抗原ポリペプチドの発現、タンパク質発現、及びその抗体発現、並びにその遺伝子の発現を検出する手段としては、

- (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体
 - 10 (2) 固形癌抗原ポリペプチド
 - (3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに基づいて設計されたプローブ又はプライマー
- が挙げられる。以下、これらの手段について詳述する。

- 15 (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌において発現された固形癌抗原ポリペプチドと結合することができるため、該抗体を用いてサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドとの反応を検出することによって、該サンプルが癌患者又はハイリスク者に由来するか否かを診断することができる。

- 20 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、ポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体であり、それぞれ固形癌抗原ポリペプチドのエピトープに結合することができる全体分子、及びF a b、F (a b')₂、F vフラグメント等が全て含まれる。このような抗体は、例えばポリクローナル抗体の場合には、抗原ポリペプチドやその一部断片を免疫原として動物を免疫した後、血清から得ることができる。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる。
- 25 動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。

また、モノクローナル抗体は、公知のモノクローナル抗体作製法（「単クローン抗体」、長宗香明、寺田弘共著、廣川書店、1990年；"Monoclonal Antibody"

James W. Goding, third edition, Academic Press, 1996) に従い作製することができる。

また固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体には、標識物質によって標識化された抗体も含まれる。そのような標識化抗体の詳細については、上記を参照されたい。

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体を用いて被験者由来のサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出し、ヒト固形癌を診断する場合には、被験者のサンプル中に、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体又はその標識化抗体と結合する抗原ポリペプチドが存在するか否かを試験し、サンプル中にその抗原ポリペプチドが存在する被験者を固形癌患者又はそのハイリスク者と判定する。すなわち、ここで使用する抗体又は標識化抗体は、固形癌細胞で発現している抗原ポリペプチドと特異的に結合する抗体であるから、この抗体と結合する抗原ポリペプチドを含むサンプルを、固形癌患者又はそのハイリスク患者の試料として判定することができる。なおその際に、好ましくは2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15-39種類の抗体についてサンプル中の抗原ポリペプチドとの結合を判定する。また、サンプルとしては、固形癌抗原ポリペプチドが発現されるサンプルであれば特に限定されるものではなく、血液や血液細胞（単核球等）、組織を対象とすることができる。

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を液相系において行う方法である。例えば、標識化抗体とサンプルとを接触させて標識化抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体を上記と同様の方法で分離し、標識シグナルを同様の方法で検出する。

液相系での診断の別の方法は、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（一次抗体）とサンプルとを接触させて一次抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体に標識化抗体（二次抗体）を結合させ、この三者の結合体における標識シグナルを検出する。あるいは、さらにシグナルを増強させるためには、非標識の二次抗体を先ず抗体+抗原ポリペプチド結合体に結合させ、この二次抗体に標識物質を結合させるようにしてもよい。このような二次抗体への標識物質の結合は、例えば二次抗体をビオチン化し、標識物質をアビジン化しておくことによって行

うことができる。あるいは、二次抗体の一部領域（例えば、F_c領域）を認識する抗体（三次抗体）を標識し、この三次抗体を二次抗体に結合させるようにしてもよい。なお、一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。液相からの結合体の分離やシグナルの検出は上記と同様とすることができる。

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を固相系において試験する方法である。この固相系における方法は、極微量の抗原ポリペプチド検出と操作の簡便化のため好ましい方法である。すなわちこの固相系の方法は、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（一次抗体）を固相（樹脂プレート、メンブレン、ビーズ等）に固定化し、この固定化抗体に抗原ポリペプチドを結合させ、非結合ペプチドを洗浄除去した後、プレート上に残った抗体+抗原ポリペプチド結合体に標識化抗体（二次抗体）を結合させ、この二次抗体のシグナルを検出する方法である。この方法は、いわゆる「サンドイッチ法」と呼ばれる方法であり、マーカーとして酵素を用いる場合には、「E L I S A（enzyme linked immunosorbent assay）」として広く用いられている方法である。一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。シグナルの検出は上記と同様とすることができる。

（２）固形癌抗原ポリペプチド

固形癌抗原ポリペプチドは、癌細胞が発現するポリペプチドであるため、癌を有する患者の血清中には、発現された固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（血清中抗体）が存在する。従って、固形癌抗原ポリペプチドを使用して血清中抗体との反応を調べることによって、被験者における固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。この固形癌抗原ポリペプチドとしては、表１に示す抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドを用いることができる。本明細書中、「抗原ポリペプチド」には、表１に示す抗原ポリペプチドのほか、表１に示す抗原ポリペプチドのうち少なくとも６個以上のアミノ酸、好ましくは６～５００、より好

ましくは8～50アミノ酸からなる部分ペプチドも含まれる。

これらの抗原ポリペプチドは、例えば、表1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドを含む組換え発現ベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行うことによりインビトロでペプチドを発現させることにより調製することができる。また組換え発現ベクターを大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞に導入して形質転換細胞を作製すれば、この形質転換細胞からポリペプチドを発現させることができる。

抗原ポリペプチドをインビトロ翻訳で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに挿入して組換え発現ベクターを作製し、このベクターを、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含むウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加すれば、抗原ポリペプチドをインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。

抗原ポリペプチドを、大腸菌などの微生物で発現させる場合には、微生物中で複製可能な複製起点、プロモーター、リボソーム結合部位、DNAクロニング部位、ターミネーター等を有するベクターにポリヌクレオチドを連結した発現ベクターを作製し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養すれば、そのポリヌクレオチドがコードしている抗原ポリペプチドを微生物から発現させることができる。この際、他のタンパク質との融合タンパク質として発現させることもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現系、pGEX発現系などが例示できる。

抗原ポリペプチドを、真核細胞で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに挿入して組換えベクターを作製し、

真核細胞内に導入すれば、抗原ポリペプチドを形質転換真核細胞で発現させることができる。発現ベクターとしては、pKA1、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pcDNA3、pMSG、pYES2などが例示できる。また、pIND/V5-His、pFLAG-CMV-2、pEGFP-N1、pEGFP-C1などを発現ベクターとして用いれば、Hisタグ、FLAGタグ、mycタグ、HAタグ、GFPなど各種タグを付加した融合タンパク質として抗原ポリペプチドを発現させることもできる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイク細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、抗原ポリペプチドを発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

抗原ポリペプチドを原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的の抗原ポリペプチドを単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせることができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどが挙げられる。

なお、以上の方法によって得られる組換え抗原ポリペプチドには、他の任意のタンパク質との融合タンパク質も含まれる。例えば、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ（GST）や緑色蛍光蛋白質（GFP）との融合蛋白質などが例示できる。さらに、形質転換細胞で発現されたペプチドは、翻訳された後、細胞内で各種修飾を受ける場合がある。したがって、修飾されたペプチドも抗原ポリペプチドとして用いることができる。このような翻訳後修飾としては、N末端メチオニンの脱離、N末端アセチル化、糖鎖付加、細胞内プロテアーゼによる限定分解、ミリスチル化、イソプレニル化、リン酸化などが例示できる。

固形癌抗原ポリペプチドを用いて、被験者由来のサンプルにおける固形癌抗原

ポリペプチドの発現を検出するためには、被験者のサンプル（血清）中に、固形癌抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体が1種類以上存在するか否かを試験する。そして血清中にその抗体が存在する被験者を固形癌患者又は固形癌ハイリスク者と判定する。すなわち、固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌患者に由来する血清中抗体（I g G）と結合するポリペプチドであるから、被験者の血清と反応させた結果、サンプルがこれらの抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体を含む場合には、固形癌患者又はそのハイリスク患者のサンプルとして判定することができる。なおその際に、2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15～39種類の抗原ポリペプチドについて抗体との結合を判定する。またさらに、すでに知られている他の固形癌マーカー（例えば、CEA、Cyfra、SCC-Agなど）を併用することもできる。また、サンプルとしては、血清中抗体が含まれるサンプル、すなわち血清を対象とすることができる。

本固形癌診断キットを用いた具体的な診断は、例えば固形癌診断キットに含まれる固形癌抗原ポリペプチドに被験者血清を接触させ、該固形癌抗原ポリペプチドと被験者血清中のI g G抗体とを液相中において反応させることにより行う。さらに血清中のI g G抗体と特異的に結合する標識化I g G抗体を反応させて、標識化I g G抗体のシグナルを検出すればよい。標識化抗体に使用する標識としては、酵素、放射性同位体又は蛍光色素を使用することができる。酵素は、代謝回転数が大きいこと、抗体と結合させても安定であること、基質を特異的に着色させる等の条件を満たすものであれば特段の制限はなく、通常酵素免疫アッセイ（EIA）に用いられる酵素、例えば、ペルオキシダーゼ、β-ガラクトシダーゼ、アルカリフォスファターゼ、グルコースオキシダーゼ、アセチルコリンエステラーゼ、グルコース-6-リン酸化脱水素酵素、リンゴ酸脱水素酵素等を用いることもできる。また、酵素阻害物質や補酵素等を用いることもできる。これら酵素と抗体との結合は、マレイミド化合物等の架橋剤を用いる公知の方法によって行うことができる。基質としては、使用する酵素の種類に応じて公知の物質を使用することができる。例えば酵素としてペルオキシダーゼを使用する場合には、3, 3', 5, 5'-テトラメチルベンジシンを、また酵素としてアルカリフ

オスファターゼを用いる場合には、パラニトロフェノール等を用いることができる。

酵素を用いる場合には、酵素作用によって分解して発色する基質を加え、基質の分解量を光学的に測定することによって酵素活性を求め、これを結合抗体量に
5 換算し、標準値との比較から抗体量が算出される。

放射性同位体としては、 ^{125}I や ^3H 等の通常のラジオイムノアッセイ (RIA) で用いられているものを使用することができる。放射性同位体を用いる場合には、放射性同位体の発する放射線量をシンチレーションカウンタ等により測定する。

蛍光色素としては、フルオレッセンスイソチオシアネート (FITC) やテトラメチルローダミンイソチオシアネート (TRITC) 等の通常の蛍光抗体法に
10 用いられるものを使用することができる。蛍光色素を用いる場合には、蛍光顕微鏡を組み合わせた測定装置によって蛍光量を測定すればよい。

さらにまた、標識化抗体には、マンガンや鉄等の金属を結合させたものも含まれる。このような金属結合抗体を体内に投与し、MRI 等によって金属を測定す
15 ることによって、血清中抗体の存在、すなわち固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。

シグナルの検出は、例えば、ウエスタンブロット分析を採用することができる。あるいは、抗原ポリペプチド+血清中抗体+標識化 IgG 抗体の結合体を、公知の分離手段 (クロマト法、塩析法、アルコール沈殿法、酵素法、固相法等) によ
20 って分離し、標識化 IgG 抗体のシグナルを検出するようにしてもよい。

また、抗原ポリペプチドの1種類以上を固相 (プレート、メンブレン、ビーズ等) 上に固定化し、この固相上において被験者血清の抗体との結合を試験することもできる。抗原ポリペプチドを固相上に固定化することによって、未結合の標識化結合分子を容易に除去することができる。また特に、数十種類の抗原ポリペ
25 プチドを固定化したメンブレンを用いるプロテインアレイ法では、0.01 ml 程度の被験者血清を用いて多種類の抗体の発現を短時間で解析することができる。

(3) プライマー又はプローブ

本固形癌診断用キットは、表1に示す固形癌抗原ポリペプチドをコードするボ

リヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列を含むプライマー又はプローブを含むものであってもよい。該プライマー又はプローブは、被験者由来のサンプル中に発現している抗原ポリペプチドのmRNA又はmRNAから合成したcDNAと特異的に結合して、サンプル中の抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の発現、すなわち抗原ポリペプチドの発現を検出することが可能である。

プライマー及びプローブは、当業者に公知の手法に従って、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74の各塩基配列に基づき設計することができる。プライマー及びプローブ設計の留意点として、例えば以下を指摘することができる。

プライマーとして実質的な機能を有する長さとしては、10塩基以上が好ましく、さらに好ましくは16～50塩基であり、さらに好ましくは20～30塩基である。またプローブとして実質的な機能を有する長さとしては、10塩基以上が好ましく、さらに好ましくは16～50塩基であり、さらに好ましくは20～30塩基である。

また設計の際には、プライマー又はプローブの融解温度(T_m)を確認することが好ましい。 T_m とは、任意のポリヌクレオチド鎖の50%がその相補鎖とハイブリッドを形成する温度を意味し、鋳型DNA又はRNAとプライマー又はプローブとが二本鎖を形成してアニーリング又はハイブリダイズするためには、アニーリング又はハイブリダイゼーションの温度を最適化する必要がある。一方、この温度を下げすぎると非特異的な反応が起こるため、温度は可能な限り高いことが望ましい。従って、設計しようとするプライマー又はプローブの T_m は、増幅反応又はハイブリダイゼーションを行う上で重要な因子である。 T_m の確認には、公知のプライマー又はプローブ設計用ソフトウェアを利用することができ、本発明で利用可能なソフトウェアとしては、例えばOligo TM [National Bioscience Inc. (米国) 製]、GENETYX [ソフトウェア開発(株)(日本) 製] 等が挙げられる。また T_m の確認は、ソフトウェアを使わず、自ら計算する

ことによっても行うことができる。その場合には、最近接塩基対法 (Nearest Neighbor Method)、W a l l a n c e 法、G C %法等に基づく計算式を利用することができる。本発明では、平均T_mが約45～55℃であることが好ましい。

プライマー又はプローブとして特異的なアニーリング又はハイブリダイズが可能な条件としては、その他にもG C含量などがあり、そのような条件は当業者に周知である。

上述のように設計したプライマー及びプローブは、当業者に公知の方法に従って調製することができる。さらに、当業者には周知のように、プライマー又はプローブには、アニーリング又はハイブリダイズする部分以外の配列、例えばタグ配列などの付加配列が含まれていてもよく、上述したプライマー又はプローブに、
10 そのような付加配列が付加されたものも本発明の範囲内に含まれるものとする。

被験者由来のサンプルにおける固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、上記プライマー及び／又はプローブをそれぞれ増幅反応又はハイブリダイゼーション反応において用い、その増幅産物又はハイブリッド産物を検出する。

15 サンプルとしては、便や血液、血液細胞（単核球等）を対象とすることができる。また増幅反応又はハイブリダイゼーション反応を行う場合には、通常は、被験者由来のサンプルから被検核酸を調製する。被検核酸は、核酸であればDNA又はRNAのいずれでもよい。DNA又はRNAは、当技術分野で周知の方法を適宜使用して抽出することができる。例えば、DNAを抽出する場合には、フェ
20 ノール抽出及びエタノール沈殿を行う方法、ガラスビーズを用いる方法など、またRNAを抽出する場合には、グアニジン塩化セシウム超遠心法、ホットフェノール法、又はチオシアン酸グアニウム-フェノールクロロホルム (A.G.P.C) 法などを利用することができる。以上のように調製したサンプル又は被検核酸を用いて、以下に示す増幅反応及び／又はハイブリダイゼーション反応を行う。

25 プライマーを用いて被検核酸を鋳型とした増幅反応を行い、その特異的増幅反応を検出することにより、サンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現の検出を行うことができる。

増幅手法としては、特に限定されないが、ポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 法の原理を利用した公知の方法を挙げることができる。例えば、PCR法、LAM

P (Loop-mediated isothermal AMplification) 法、I C A N (Isothermal and Chimeric primer-initiated Amplification of Nucleic acids) 法、R C A (Rolling Circle Amplification) 法、L C R (Ligase Chain Reaction) 法、S D A (Strand Displacement Amplification) 法等を挙げることができる。増幅は、増幅産物が
5 検出可能なレベルになるまで行う。

例えば、P C R 法は、被検核酸であるDNAを鋳型として、DNAポリメラーゼにより、一对のプライマー間の塩基配列を合成するものである。P C R 法によれば、変性、アニーリング及び合成からなるサイクルを繰り返すことによって、増幅断片を指数関数的に増幅させることができる。P C R の最適条件は、当業者
10 であれば容易に決定することができる。

またR T-P C R 法では、まず、被検核酸であるRNAを鋳型として、逆転写酵素反応によりcDNAを作製し、その後、作製したcDNAを鋳型として一对のプライマーを用いてP C R 法を行うものである。

なお、増幅手法として競合P C R 法やリアルタイムP C R 法等の定量的P C R
15 法などを採用することにより、定量的な検出が可能となる。

上記増幅反応後に特異的な増幅反応が起こったか否かを検出するには、増幅反応により得られる増幅産物を特異的に認識することができる公知の手段を用いることができる。例えば、アガロースゲル電気泳動法等を利用して、特定のサイズの増幅断片が増幅されているか否かを確認することにより、特異的な増幅反応を
20 検出することができる。

あるいは、増幅反応の過程で取り込まれるd N T P に、放射性同位体、蛍光物質、発光物質などの標識体を作用させ、この標識体を検出することができる。放射性同位体としては、 ^{32}P 、 ^{125}I 、 ^{35}S などを用いることができる。また蛍光物質としては、例えば、フルオレセン (F I T C)、スルホローダミン (S R)、
25 テトラメチルローダミン (T R I T C) などを用いることができる。また発光物質としてはルシフェリンなどを用いることができる。

これら標識体の種類や標識体の導入方法等に関しては、特に制限されることはなく、従来公知の各種手段を用いることができる。例えば標識体の導入方法としては、放射性同位体を用いるランダムプライム法が挙げられる。

標識した d N T P を取り込んだ増幅産物を観察する方法としては、上述した標識体を検出するための当技術分野で公知の方法であればいずれの方法でもよい。例えば、標識体として放射性同位体を用いた場合には、放射活性を、例えば液体シンチレーションカウンタ、γ-カウンタなどにより計測することができる。

- 5 また標識体として蛍光を用いた場合には、その蛍光を蛍光顕微鏡、蛍光プレートリーダーなどを用いて検出することができる。

以上のようにして特異的な増幅反応が検出された場合には、サンプル中に固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子が発現している、すなわち固形癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチド
10 が発現している被験者を固形癌患者又はハイリスク者と診断する。

また、プローブを用いてサンプル又は被検核酸に対するハイブリダイゼーション反応を行い、その特異的結合（ハイブリッド）を検出することにより、固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することもできる。

ハイブリダイゼーション反応は、プローブが固形癌抗原ポリペプチドに由来するポリヌクレオチドのみと特異的に結合するような条件、すなわちストリンジェントな条件下で行う必要がある。そのようなストリンジェントな条件は当技術分野で周知であり、特に限定されない。ストリンジェントな条件としては、例えばナトリウム濃度が、10～300 mM、好ましくは20～100 mMであり、温度が25～70℃、好ましくは42～55℃における条件が挙げられる。

20 ハイブリダイゼーションを行う場合には、プローブに蛍光標識（フルオレセイン、ローダミンなど）、放射性標識（³²P など）、酵素標識（アルカリホスファターゼ、西洋ワサビパーオキシダーゼ等）、ビオチン標識等の適当な標識を付加することができる。従って、本固形癌診断用キットには、上記のような標識を付加したプローブも含まれる。

25 標識化プローブを用いた検出は、サンプル又はそれから調製した被検核酸とプローブとをハイブリダイズ可能なように接触させることを含む。「ハイブリダイズ可能なように」とは、上述したストリンジェントな条件下にて特異的な結合が起こる環境（温度、塩濃度）において、ということである。具体的には、サンプル又は被検核酸をスライドガラス、メンブラン、マイクロタイタープレート等の適

当な固相に固定化し、標識を付加したプローブを添加することにより、プローブとサンプル又は被検核酸とを接触させてハイブリダイゼーション反応を行い、ハイブリダイズしなかったプローブを除去した後、サンプル又は被検核酸とハイブリダイズしているプローブの標識を検出する。標識が検出された場合には、サンプル中に固形癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固形癌患者又はハイリスク者と診断する。

また、標識の濃度を指標とすることにより、定量的な検出も可能となる。標識化プローブを用いた検出方法の例としては、サザンハイブリダイゼーション法、ノーザンハイブリダイゼーション法、FISH（蛍光i n s i t uハイブリダイゼーション）法等を挙げることができる。

また、本固形癌診断キットを用いて診断を行う場合には、被験者に由来するサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現量を測定し、1種以上の固形癌抗原ポリペプチドの発現が健常者のそれらと比較して多い被験者を固形癌患者又はそのハイリスク者と判定する。具体的な判定基準としては、被験者の固形癌抗原ポリペプチド発現量が健常者のそれと比較して、10%以上、好ましくは30%以上、さらに好ましくは70%以上、最も好ましくは100%以上である場合である。

3. 固形癌の予防又は治療用医薬

3. 1. 固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現抑制

固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌において特異的に発現するものであるため、その発現が細胞の癌化の原因となっている可能性が高い。そのため、固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制すれば、細胞の癌化やその進行に対する治療効果が期待される。

従って、上記の1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能及び発現を抑制するための手段は、固形癌の予防及び／又は治療用医薬として有効である。

かかるヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

- (2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段
(3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段
が挙げられる。

5 (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、被験者における固形癌抗原ポリペプチドと特異的に結合することにより、該抗原ポリペプチドの活性を抑制することができる。従って、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体を含む医薬は、固形癌の治療又は予防に有効である。

10

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段

固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、対象となる被験者における当該遺伝子の転写プロモーター領域を転写抑制型プロモーターと置換するために用いることが可能な発現ベクターが挙げられる。また、
15 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、当該遺伝子の転写に関わる領域に転写抑制活性のある塩基配列を挿入するための発現ベクターを用いてもよい。上記のような発現ベクターの設計及び調製は当業者には周知である。

20 (3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段

また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制する手段としては、いわゆるアンチセンスRNAを用いる方法が挙げられる。すなわち、当該遺伝子のmRNAに対するアンチセンスRNAを転写する遺伝子を、プラスミドとして導入するか又は被験者のゲノムに組み込み、当該アンチセンスRNAを過剰発現させることで、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子のmRNAの
25 翻訳が抑制される。アンチセンスRNAに関する技術は、例えば哺乳動物を宿主とした場合でも知られている (Han et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88, 4313-4317; Hackett et al. (2000) Plant Physiol., 124, 1079-86)。

また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制するために、

RNA干渉 (RNA interference) を利用することも可能である。具体的には、標的とする固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の塩基配列に相補的な二本鎖RNAを細胞内に導入すると、固形癌抗原ポリペプチドをコードする内在性遺伝子のmRNAが分解されて、結果としてその細胞での遺伝子発
5 現が特異的に抑制されることとなる。この手法は、哺乳動物細胞などにおいても確認されている (Hannon, GJ., Nature (2002) 418, 244-251 (review); 特表2002-516062号公報; 特表平8-506734号公報)。

3. 2. 固形癌に対するターゲティング

10 固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌において特異的に発現するものであるため、この特異的発現を利用して固形癌にターゲティングする手段を用いることによって、固形癌治療薬を癌部位で有効に作用させることが可能となる。

従って、上記の固形癌にターゲティングする手段もまた、固形癌の予防及び／又は治療用医薬として有効であり、本発明に係る固形癌の予防又は治療用医薬は、
15 固形癌予防薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含むものである。

かかるヒト固形癌にターゲティングする手段としては、

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の
20 塩基配列
が挙げられる。

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌細胞で特異的に発現する抗原ポリ
25 ペプチドに結合するため、この抗体に公知の固形癌治療薬 (例えば抗癌剤や免疫増強剤) を結合させて患者体内に投与することによって、固形癌治療薬を癌細胞特異的に作用させることができる。

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の

塩基配列

固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域(以下、「プロモーター配列」と記載する)は、固形癌細胞で特異的に発現する遺伝子の発現制御領域であるため、このプロモーター配列に固形癌治療薬をコードするポリヌクレオチドを連結して治療用遺伝子を作製し、これを体内に投与すれば、治療用遺伝子を癌細胞特異的に発現させることが可能となる。抗癌作用を有する物質又は抗癌作用を有する物質の前駆物質をコードするポリヌクレオチドとしては、例えば p 5 3、単純ヘルペスウイルスチミジンキナーゼ、インターロイキン-2、-12、-17、-18、シトシンデアミナーゼ、ウラシルホスホリボシルトランスフェラーゼ等をコードする遺伝子DNAやそのcDNA等を利用することができる。また、このプロモーター配列は、アデノウイルスやヘルペスウイルスを癌細胞特異的に増殖させて癌細胞を融解させる治療法に使用することもできる。すなわち、例えばアデノウイルスのE1A領域の前にプロモーター配列を挿入することによって、このアデノウイルスは癌細胞においてのみ特異的に増殖し、癌細胞を融解させる。

3. 3. 医薬の適用対象及び投与

本発明の医薬の適用対象となる固形癌は、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等が挙げられ、特に限定はされないが、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌である。

本発明の医薬は、上記固形癌の発症を予防することを目的として、あるいは上記固形癌患者又は固形癌のリスクが高いと診断された患者に対しては症状の悪化の防止又は症状の軽減などを目的として投与することができる。

上記の手段を固形癌の治療及び／又は予防のための医薬として用いる場合には、薬学的に許容され得る担体と配合して医薬組成物として用いることもできる。このときの有効成分の担体に対する割合は、1～90%の間で適宜調整すればよい。

本発明の医薬の投与形態としては、通常の静脈内、動脈内等の全身投与のほか、癌原病巣に対して又は癌腫に対応した予想転移部位に対して局所注射等の局所投

与を行うことが好ましい。

本発明の医薬の投与量は、年齢、性別、症状、投与経路、投与回数、剤形によって異なり、これらは当業者又は医師が適宜調整すればよい。

- 5 以下、実施例を用いて本方法をより詳細に説明するが、本発明の技術的範囲はこれら実施例に限定されるものではない。

〔実施例 1〕 二次元電気泳動による大腸癌抗原ポリペプチドの同定

〔1〕 材料と方法

- 10 患者（6 例）の了解のもと、大腸癌摘出直後の癌部及び非癌部組織のそれぞれから凍結標本を採取し、 -80°C に保存した。この凍結標本の適量を 9.5 M Urea 、 2% CHAPS 、 1% DTT 、プロテアーゼインヒビターコンプリート（ロッシュ）溶液中でホモジェナイズした後、超高速遠心器（日立）で $100,000\text{ g}$ にて遠心し、上清（タンパク質溶液）を抽出し、吸光度によりタンパク質濃度を同定した。

- 15 癌部及び非癌部組織から得られたタンパク質それぞれ $400\text{ }\mu\text{g}$ を一次元目はアガロース等電点電気泳動で、二次元目は 12% 又は $6\sim 10\%$ Tris/Glycine SDS ポリアクリルアミドゲル電気泳動で分離した。分離されたタンパク質をクーマシーブリリアントブルー R250 で染色し、非癌部組織に比較して癌部組織で発現量が増大しているスポットを検出した。このスポットからゲル
20 を切り出し、ゲル中に含まれているタンパク質をトリプシン（ロッシュ）により消化し、得られたペプチドを回収し、イオントラップ型質量分析器（サーモクエスト社 LCQ DECA XP ）によりアミノ酸配列を決定した。

〔2〕 結果

- 25 結果を図 1 A 及び B に示す。6 例の大腸癌患者の癌組織（tumor）及び正常組織（Normal）を比較したところ、6 例中 4 例以上の癌組織において、配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38 及び 40 に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質の特異的発現が確認された。図 1 A 及び B 中、丸で囲んだタンパク質を示し

ている番号は、表1の1～20の各抗原ポリペプチドに対応する。

これらのタンパク質をコードする塩基配列は、それぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37及び39に示され、それぞれの遺伝子は表1に示したとおりである。

〔実施例2〕SEREX法による固形癌抗原ポリペプチドの特定

〔1〕cDNAライブラリーの作製

ヒト食道癌由来の細胞株T₁T_nを、カナマイシン（100 μ g/ml）を添加した10%のウシ胎児血清を含むDMEM培地で培養した。これらの培養細胞からグアニジウムチオシアネートフェノールクロロホルム抽出法によりトータルRNA（250 μ g）を単離し、oligo-dT（Oligotex-dT30 super, TAKARA 社）を用いたポリ（A）セレクションを2回行い、mRNAを精製した。この得られたmRNA（5.7 μ g）を用いて各細胞のcDNAライブラリーを構築した。一本鎖cDNAは、XhoIリンカープライマーと5-メチル-dCTPを用いて合成した。この一本鎖cDNAからT4 DNAポリメラーゼにより平滑末端を有する二本鎖cDNAを合成し、この二本鎖cDNAの両端に制限酵素サイト（EcoRI/ λ ZAPII）を含むリンカーを付加した。cDNAフラグメントをバクテリオファージ（Stratagene 社）に挿入し、それぞれの癌細胞について、約 1.8×10^6 個のクローンからなるcDNAライブラリーを作製した。

〔2〕cDNAライブラリーのスクリーニング

上記で作製した各癌細胞のcDNAライブラリーの各ファージベクターを大腸菌XL1-Blueに感染させ、NZYアガロースプレート上でプラークを形成させた。各感染大腸菌に対して、10mMのIPTG処理により発現誘導し、各cDNAがコードするペプチドを発現させた。このペプチドをニトロセルロース膜（NitroBind: Osmonics 社）に転写し、TBS [0.5%のTween 20を含むTBS（10mMのTris-HCl、150mMのNaCl；p

H 7. 5)] で膜を洗浄して吸着したバクテリオファージを除去した後、1 % のアルブミンを含む TBS-Tween にて非特異反応を抑制した。このフィルターを食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者血清と室温でそれぞれ 2 時間反応させた。

血清は、患者から単離した後、 -80°C で保存し、使用直前に 1 重量 % のアルブミンを含む TBS-Tween (0. 5 % のポリオキシエチレンソルビタンモノラウレートを含む TBS-Tween) 溶液で 500 倍に最終的に希釈したものを用いた。この希釈した血清を、大腸菌のライセートと 1 : 5 の割合で混合し、 4°C で 8 時間放置後、15, 000 回転にて 20 分間遠心し、上清を回収したものを用いた。また、必要に応じて無処理の血清を 2000 倍に希釈して用いた。

10 血清と、上記の発現ペプチドをブロットしたニトロセルロース膜とを室温で 10 ~ 20 時間反応させて血清中の抗体が反応したポリペプチドを特定した。すなわち、二次抗体として 5000 倍に希釈したアルカリフォスファターゼ標識抗ヒト IgG-F (a b')₂ ヤギ抗体 (Jackson 社) を用いて反応させ、ニトロブルーテトラゾリウム (Wako 社) と 5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリルホスフェート (Wako 社) を用いた酵素発色反応により標識シグナルを検出し、発色反応陽性部位に一致するコロニーをアガロースプレート上から採取し、SM 緩衝液 (100 mM の NaCl、10 mM の MgSO₄、50 mM の Tris-HCl ; pH 7. 5) に溶解させた。発色反応陽性コロニーが単一化するまで上記と同様の方法で、二次、三次スクリーニングを繰り返し、5 名の患者の血清中の IgG と
15 反応するファージクローンをスクリーニングして、陽性クローンを単離した。
20

[3] 新規抗原の特定

得られた陽性クローンから、PCR 法によりインサート DNA を複製し、得られた産物を、Big Dye DNA Sequencing Kit (ABI 社) と ABI Prism (Perkin Elmer
25 社) とを用いて配列決定した。既存データベースを用いて検索した結果、既知の癌関連遺伝子の発現産物である抗原ポリペプチドを除き、さらに複数の患者の血清中抗体と反応する 19 種の新規抗原ポリペプチドを特定した。この新規抗原ポリペプチドの抗体陽性率を表 2 に示す。

表 2

No.	クローン名	名称	登録番号	抗体陽性率(%)					
				食道癌 患者	早期食道 癌患者	大腸癌 患者	胃癌 患者	乳癌 患者	健常者
1	K35-1-1	プロゲステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	10	13	0	20	0	10
2	K30-1-1	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニンキナーゼ2	NM_199054	0	13	10	20	20	5
3	12N3-1	EST: 601191782F1	BE264462	5	0	0	0	0	0
4	12O1-1	EST: 602301679F1	BG032310	15	0	10	30	0	0
5	14A1-1-1	付加的性糖類似1	NM_015338	15	13	10	10	0	6
6	18G3-1	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	10	0	0	0	20	0
7	19C1-1	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	5	0	0	0	10	0
8	19F1-1	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	5	0	40	10	10	5
9	19F1-2	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	0	13	20	20	20	0
10	6BD3-1	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	14					0
11	14H1-2-1	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	10					0
12	18B2-1	リソソーム結合タンパク質 膜貫通4ベータ	NM_018407	10					0
13	18G1-1	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット, α アイソフォーム	NM_002708	10					0
14	20J4-1	ペルオキシレドキシシン3	NM_006793	14					0
15	19M2	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	38					0
16	10Q3-1	ユビキチン結合酵素 E2I	BC000744	33					0
17	14A1-1-2	ホスファチジン酸ホスファターゼ、 タイプ 2C	NM_003712	40					21
18	14B1-2-1	ベータカテニン相互作用 タンパク質1	NM_020248	33					17
19	14H2-1-1	ソーティングネキシン15	NM_147777	11					4

これら 19 種の新規抗原ポリペプチドのアミノ酸をコードするポリヌクレオチド (cDNA) 配列は、それぞれ配列番号 41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 に示される各塩基配列を有している。また、配列番号 41、43、47、49、51、53、55、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 に示される各塩基配列は、それぞれ配列番号 42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 の

アミノ酸配列を有している。

図 2 ～ 2 0 は、これら 1 9 種の新規抗原ポリペプチドと各患者血清中の抗体との結合反応を調べたウエスタングロット分析の結果である。この図 2 ～ 2 0 において、矢印は患者血清中の抗体と特異的に反応したポリペプチドを示す。I P T G 処理した大腸菌抽出液において検出され、無処理の大腸菌抽出液には検出されないことから導入した c D N A 由来のポリペプチドであると確認できる。

本明細書で引用した全ての刊行物、特許及び特許出願をそのまま参考として本明細書にとり入れるものとする。

10

産業上の利用可能性

本発明に係る固形癌診断キットにより、固形癌を高精度で診断することができ、固形癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固形癌の予防用医薬又は治療用医薬により、固形癌のみを標的とする治療を行うことが可能となる。

15

請求の範囲

1. 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、
5 50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73
及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチド。

2. 請求項 1 に記載のヒト固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。

10 3. 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、
25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、
47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、
70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチド。

15 4. 被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発
現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原
ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、
44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、
20 71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特
徴とする固形癌診断キット。

5. 被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発
現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原
ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、
25 21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、
45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、
66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有する
ポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌診断キット。

6. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固形癌抗原ポ

リペプチド又はその部分ペプチドである、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

7. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

5 8. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が、該固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブである、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

10 9. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が固相上に固定化されている、請求項 4～8 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

10 10. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が標識されている、請求項 4～9 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

11 11. 固形癌が、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌からなる群より選択されるものである、請求項 4～10 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

15 12. サンプルが、血清、血液、血液細胞及び組織からなる群より選択されるものである、請求項 4～11 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

13. 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、
20 24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬。

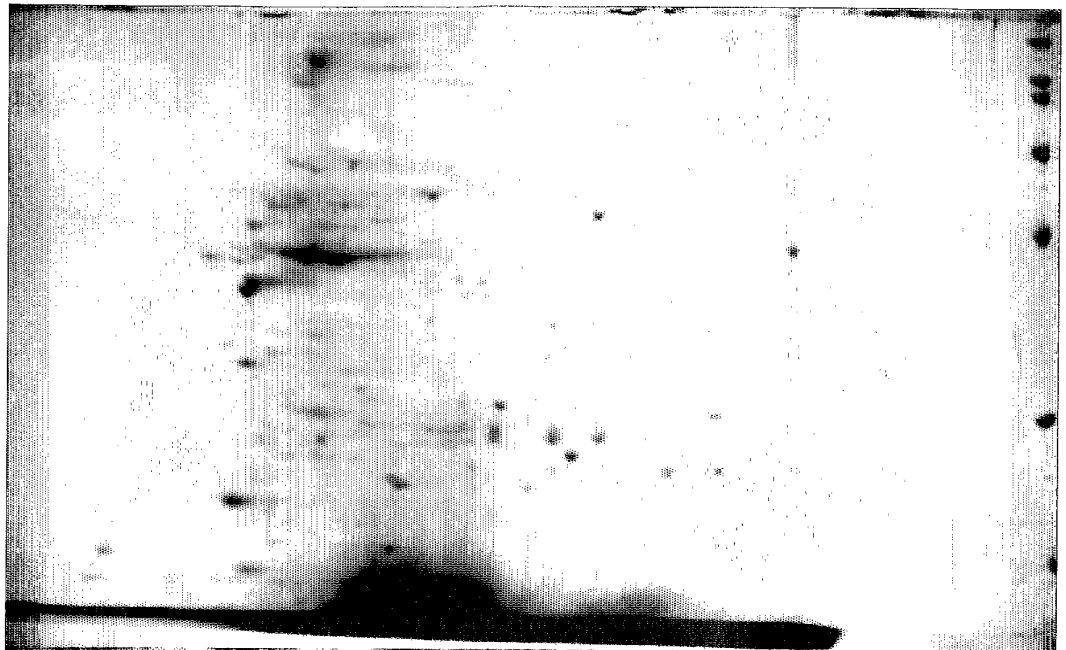
14. 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための
25 手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌ

クレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬。

- 1 5. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。
- 5 1 6. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。
- 1 7. ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。
- 10 1 8. 固形癌予防薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含む、固形癌の予防又は治療用医薬。
- 1 9. ヒト固形癌にターゲティングする手段が固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 1 8 記載の医薬。
- 15 2 0. ヒト固形癌にターゲティングする手段が固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列である、請求項 1 8 記載の医薬。

図 1 A

Normal

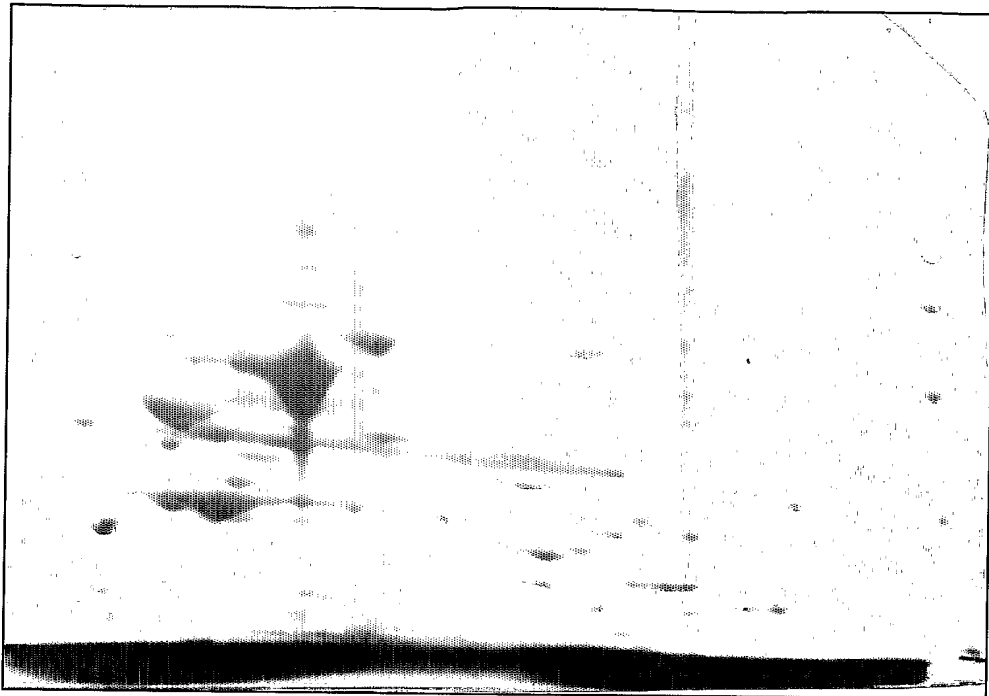


Tumor



図 1 B

Normal



Tumor

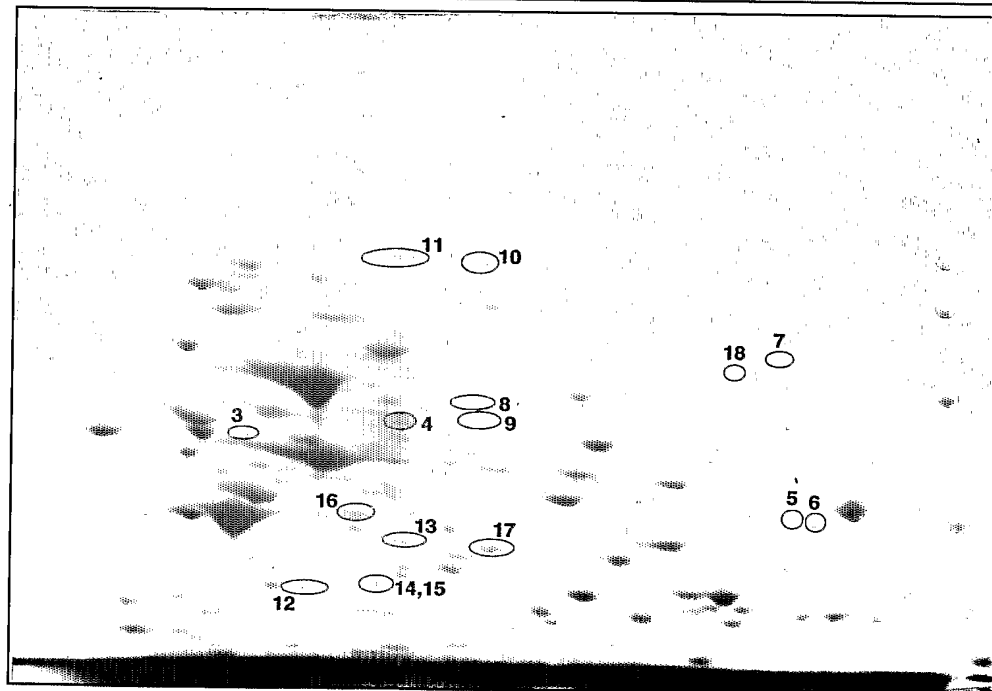


図 2

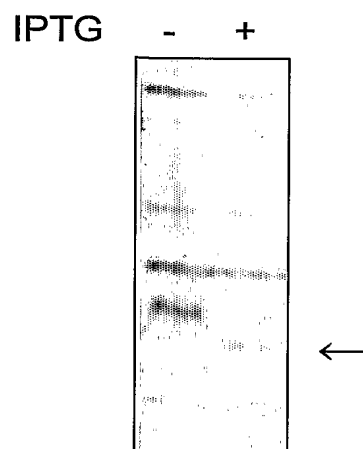


図 3

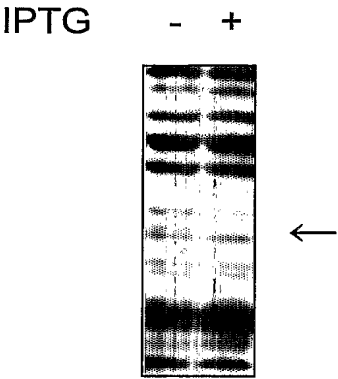


図 4

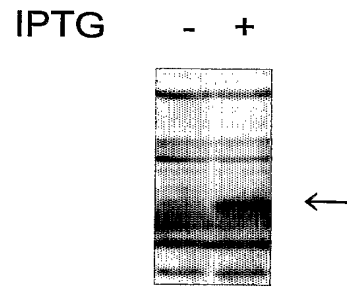


図 5

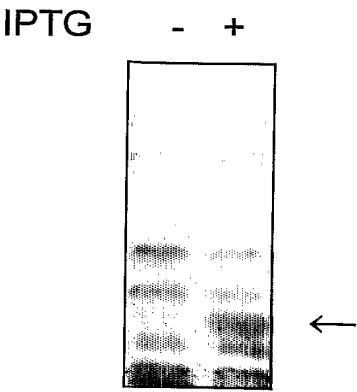


図 6

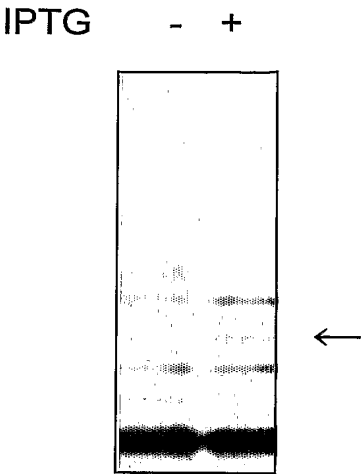


図 7

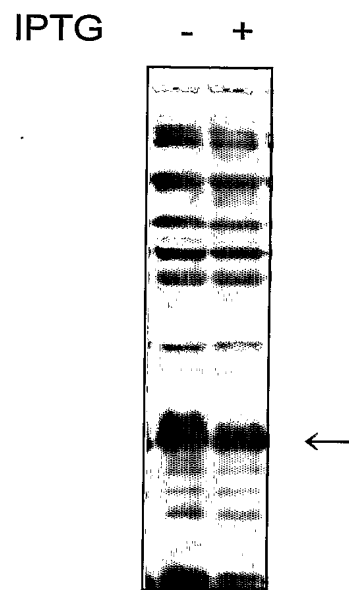


図 8

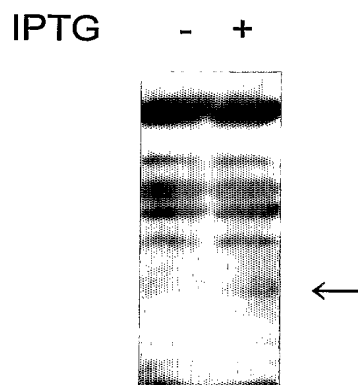


図 9

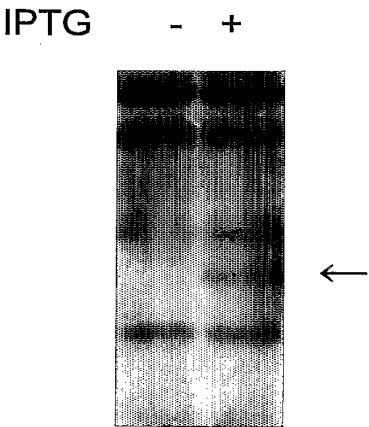


図 10

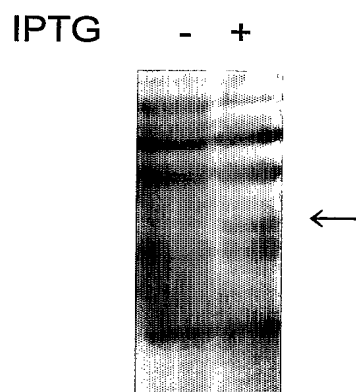


図 1 1

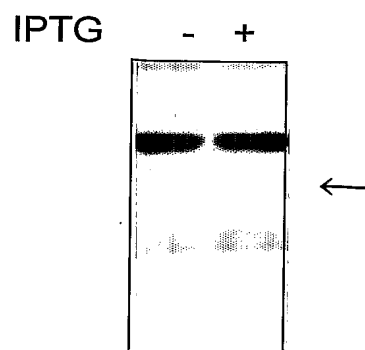


図 1 2

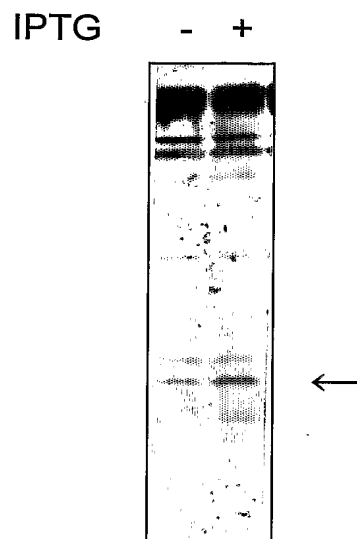


図 1 3

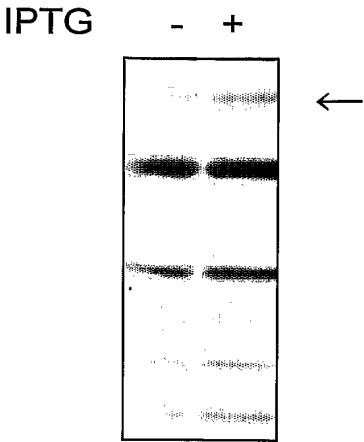


図 1 4

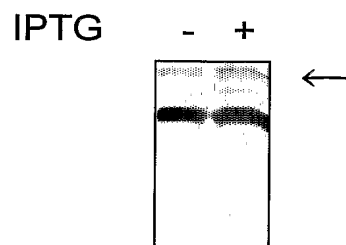


図 1 5

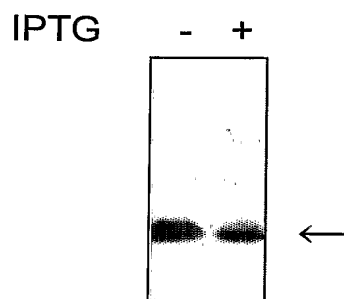


図 1 6

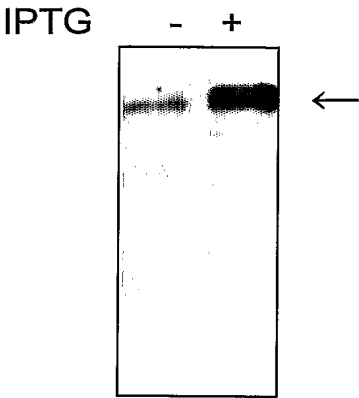


図 1 7

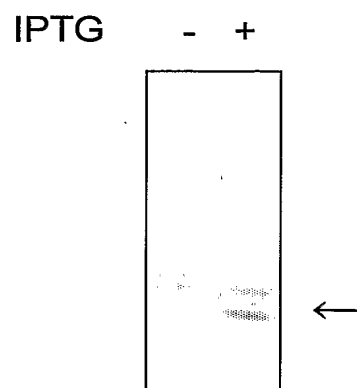


図 18

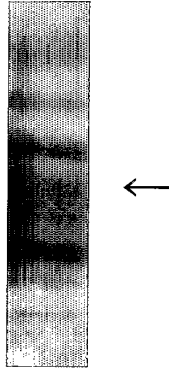


図 19

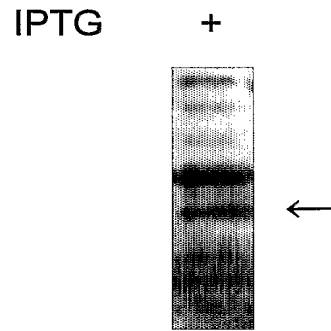
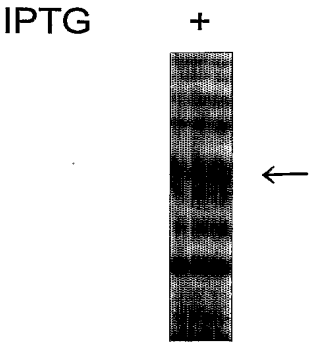


図 20



SEQUENCE LISTING

<110> SHIMADA, Hideaki
 TOMONAGA, Takeshi
 HIWASA, Takaki
 MATSUSHITA, Kazuyuki
 OCHIAI, Takenori
 NOMURA, Fumio

<120> Human solid tumor-specific proteins
 <130> PH-2406PCT
 <150> JP 2004-095732
 <150> 2004-03-29
 <160> 75
 <170> PatentIn version 3.1

<210> 1
 <211> 1321
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (87)..(1103)
 <223>

<400> 1
 ggcgctgggc agtgtggagg tcgttggagt cacttccgcg tcaccagctc ctgtgcctgc 60
 cagtcggtgc cctcccgct ccagcc atg ctc tcc gcc ctc gcc cgg cct gcc 113
 Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala
 1 5
 agc gct gct ctc cgc cgc agc ttc agc acc tcg gcc cag aac aat gct 161
 Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala
 10 15 20 25
 aaa gta gct gtg cta ggg gcc tct gga ggc atc ggg cag cca ctt tca 209
 Lys Val Ala Val Leu Gly Ala Ser Gly Gly Ile Gly Gln Pro Leu Ser
 30 35 40
 ctt ctg ctg aag aac agc ccc ttg gtg agc cgc ctg acc ctc tat gat 257
 Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp
 45 50 55
 atc gcg cac aca ccc gga gtg gcc gca gat ctg agc cac atc gag acc 305
 Ile Ala His Thr Pro Gly Val Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr
 60 65 70
 aaa gcc gct gtg aaa ggc tac ctc gga cct gaa cag ctg cct gac tgc 353
 1/201

Lys	Ala	Ala	Val	Lys	Gly	Tyr	Leu	Gly	Pro	Glu	Gln	Leu	Pro	Asp	Cys		
75						80					85						
ctg	aaa	ggt	tgt	gat	gtg	gta	gtt	att	ccg	gct	gga	gtc	ccc	aga	aag	401	
Leu	Lys	Gly	Cys	Asp	Val	Val	Val	Ile	Pro	Ala	Gly	Val	Pro	Arg	Lys		
90					95					100					105		
cca	ggc	atg	acc	cgg	gac	gac	ctg	ttc	aac	acc	aat	gcc	acg	att	gtg	449	
Pro	Gly	Met	Thr	Arg	Asp	Asp	Leu	Phe	Asn	Thr	Asn	Ala	Thr	Ile	Val		
				110					115					120			
gcc	acc	ctg	acc	gct	gcc	tgt	gcc	cag	cac	tgc	ccg	gaa	gcc	atg	atc	497	
Ala	Thr	Leu	Thr	Ala	Ala	Cys	Ala	Gln	His	Cys	Pro	Glu	Ala	Met	Ile		
			125					130					135				
tgc	gtc	att	gcc	aat	ccg	gtt	aat	tcc	acc	atc	ccc	atc	aca	gca	gaa	545	
Cys	Val	Ile	Ala	Asn	Pro	Val	Asn	Ser	Thr	Ile	Pro	Ile	Thr	Ala	Glu		
	140						145					150					
gtt	ttc	aag	aag	cat	gga	gtg	tac	aac	ccc	aac	aaa	atc	ttc	ggc	gtg	593	
Val	Phe	Lys	Lys	His	Gly	Val	Tyr	Asn	Pro	Asn	Lys	Ile	Phe	Gly	Val		
	155					160					165						
acg	acc	ctg	gac	atc	gtc	aga	gcc	aac	acc	ttt	gtt	gca	gag	ctg	aag	641	
Thr	Thr	Leu	Asp	Ile	Val	Arg	Ala	Asn	Thr	Phe	Val	Ala	Glu	Leu	Lys		
170					175					180					185		
ggt	ttg	gat	cca	gct	cga	gtc	aac	gtc	cct	gtc	att	ggt	ggc	cat	gct	689	
Gly	Leu	Asp	Pro	Ala	Arg	Val	Asn	Val	Pro	Val	Ile	Gly	Gly	His	Ala		
				190					195					200			
ggg	aag	acc	atc	atc	ccc	ctg	atc	tct	cag	tgc	acc	ccc	aag	gtg	gac	737	
Gly	Lys	Thr	Ile	Ile	Pro	Leu	Ile	Ser	Gln	Cys	Thr	Pro	Lys	Val	Asp		
			205					210					215				
ttt	ccc	cag	gac	cag	ctg	aca	gca	ctc	act	ggg	cgg	atc	cag	gag	gcc	785	
Phe	Pro	Gln	Asp	Gln	Leu	Thr	Ala	Leu	Thr	Gly	Arg	Ile	Gln	Glu	Ala		
	220						225					230					
ggc	acg	gag	gtg	gtc	aag	gct	aaa	gcc	gga	gca	ggc	tct	gcc	acc	ctc	833	
Gly	Thr	Glu	Val	Val	Lys	Ala	Lys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Leu		
	235					240					245						
tcc	atg	gcg	tat	gcc	ggc	gcc	cgc	ttt	gtc	ttc	tcc	ctt	gtg	gat	gca	881	
Ser	Met	Ala	Tyr	Ala	Gly	Ala	Arg	Phe	Val	Phe	Ser	Leu	Val	Asp	Ala		
250					255					260					265		
atg	aat	gga	aag	gaa	ggt	gtt	gtg	gaa	tgt	tcc	ttc	gtt	aag	tca	cag	929	
Met	Asn	Gly	Lys	Glu	Gly	Val	Val	Glu	Cys	Ser	Phe	Val	Lys	Ser	Gln		
				270					275					280			

Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr
3/201

65		70		75		80
Leu Gly Pro Glu Gln Leu Pro Asp Cys Leu Lys Gly Cys Asp Val Val	85	90	95			
Val Ile Pro Ala Gly Val Pro Arg Lys Pro Gly Met Thr Arg Asp Asp	100	105	110			
Leu Phe Asn Thr Asn Ala Thr Ile Val Ala Thr Leu Thr Ala Ala Cys	115	120	125			
Ala Gln His Cys Pro Glu Ala Met Ile Cys Val Ile Ala Asn Pro Val	130	135	140			
Asn Ser Thr Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Phe Lys Lys His Gly Val	145	150	155	160		
Tyr Asn Pro Asn Lys Ile Phe Gly Val Thr Thr Leu Asp Ile Val Arg	165	170	175			
Ala Asn Thr Phe Val Ala Glu Leu Lys Gly Leu Asp Pro Ala Arg Val	180	185	190			
Asn Val Pro Val Ile Gly Gly His Ala Gly Lys Thr Ile Ile Pro Leu	195	200	205			
Ile Ser Gln Cys Thr Pro Lys Val Asp Phe Pro Gln Asp Gln Leu Thr	210	215	220			
Ala Leu Thr Gly Arg Ile Gln Glu Ala Gly Thr Glu Val Val Lys Ala	225	230	235	240		
Lys Ala Gly Ala Gly Ser Ala Thr Leu Ser Met Ala Tyr Ala Gly Ala	245	250	255			
Arg Phe Val Phe Ser Leu Val Asp Ala Met Asn Gly Lys Glu Gly Val	260	265	270			

Val Glu Cys Ser Phe Val Lys Ser Gln Glu Thr Glu Cys Thr Tyr Phe
 275 280 285

Ser Thr Pro Leu Leu Leu Gly Lys Lys Gly Ile Glu Lys Asn Leu Gly
 290 295 300

Ile Gly Lys Val Ser Ser Phe Glu Glu Lys Met Ile Ser Asp Ala Ile
 305 310 315 320

Pro Glu Leu Lys Ala Ser Ile Lys Lys Gly Glu Asp Phe Val Lys Thr
 325 330 335

Leu Lys

<210> 3
 <211> 2049
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (51).. (797)
 <223>

<400> 3
 gagcccagcc gagcgtccgc cgctgcccggt gcgcctctgc gctccgcgcc atg gcc 56
 Met Ala
 1

ggc ctc aac tcc ctg gag gcg gtg aaa cgc aag atc cag gcc ctg cag 104
 Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala Leu Gln
 5 10 15

cag cag gcg gac gag gcg gaa gac cgc gcg cag ggc ctg cag cgg gag 152
 Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln Arg Glu
 20 25 30

ctg gac ggc gag cgc gag cgg cgc gag aaa gct gaa ggt gat gtg gcc 200
 Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp Val Ala
 35 40 45 50

gcc ctc aac cga cgc atc cag ctc gtt gag gag gag ttg gac agg gct 248
 Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp Arg Ala
 5/201

55	60	65	
cag gaa cga ctg gcc acg gcc ctg	cag aag ctg gag gag gca gaa aaa		296
Gln Glu Arg Leu Ala Thr Ala Leu	Gln Lys Leu Glu Glu Ala Glu Lys		
70	75	80	
gct gca gat gag agt gag aga gga atg aag gtg ata gaa aac cgg gcc			344
Ala Ala Asp Glu Ser Glu Arg Gly Met Lys Val Ile Glu Asn Arg Ala			
85	90	95	
atg aag gat gag gag aag atg gag att cag gag atg cag ctc aaa gag			392
Met Lys Asp Glu Glu Lys Met Glu Ile Gln Glu Met Gln Leu Lys Glu			
100	105	110	
gcc aag cac att gcg gaa gag gct gac cgc aaa tac gag gag gta gct			440
Ala Lys His Ile Ala Glu Glu Ala Asp Arg Lys Tyr Glu Glu Val Ala			
115	120	125	130
cgt aag ctg gtc atc ctg gag ggt gag ctg gag agg gca gag gag cgt			488
Arg Lys Leu Val Ile Leu Glu Gly Glu Leu Glu Arg Ala Glu Glu Arg			
135	140	145	
gcg gag gtg tct gaa cta aaa tgt ggt gac ctg gaa gaa gaa ctc aag			536
Ala Glu Val Ser Glu Leu Lys Cys Gly Asp Leu Glu Glu Glu Leu Lys			
150	155	160	
aat gtt act aac aat ctg aaa tct ctg gag gct gca tct gaa aag tat			584
Asn Val Thr Asn Asn Leu Lys Ser Leu Glu Ala Ala Ser Glu Lys Tyr			
165	170	175	
tct gaa aag gag gac aaa tat gaa gaa gaa att aaa ctt ctg tct gac			632
Ser Glu Lys Glu Asp Lys Tyr Glu Glu Glu Ile Lys Leu Leu Ser Asp			
180	185	190	
aaa ctg aaa gag gct gag acc cgt gct gaa ttt gca gag aga acg gtt			680
Lys Leu Lys Glu Ala Glu Thr Arg Ala Glu Phe Ala Glu Arg Thr Val			
195	200	205	210
gca aaa ctg gaa aag aca att gat gac ctg gaa gag aaa ctt gcc cag			728
Ala Lys Leu Glu Lys Thr Ile Asp Asp Leu Glu Glu Lys Leu Ala Gln			
215	220	225	
gcc aaa gaa gag aac gtg ggc tta cat cag aca ctg gat cag aca cta			776
Ala Lys Glu Glu Asn Val Gly Leu His Gln Thr Leu Asp Gln Thr Leu			
230	235	240	
aac gaa ctt aac tgt ata taa gcaaaacaga agagtcttgt tccaacagaa			827
Asn Glu Leu Asn Cys Ile			
245			

actctggagc tccgtgggtc tttctcttct ctgtgaagaa gttccttttg ttattgccat 887
 cttegccttg ctggaaatgt caagcaaatt atgaatacat gaccaaatat tttgtatcgg 947
 agaagctttg agcaccagtt aaatctcatt ccttcccttt ttttttcaaa tggcaccagc 1007
 tttttcagct ctcttatttt ttccttaagt agcatttatt cctaaggtag gcagggtatt 1067
 tcctagtaag catactttct taagacggag gccatttggt tcctgggaga ataggcagcc 1127
 ccacactttg aagaatacag accccagtat ctagtctgtg atataattaa aacgtgaag 1187
 accataacct tttgggtcaa ctgttggtca aactatagga gagaccagg accatcacat 1247
 gggtagggat tttccatcca gagccaataa aaggactggt gggggccggg ggtggctatt 1307
 gtgggaagtc ataaccaca gatagatcaa cctaagaatc ctggcccttc tccactctcc 1367
 accatgcagg acaaacatct tctcaagcag tcaacgtaga atgcttgga aatagtcata 1427
 attaccaca tatagtaatt aatagatggt aattaattga tccttgatgt gatgttcttt 1487
 tgcatatttc cttcattcta aagttgttc ctggccggga gcgtttgott tcgcctgtaa 1547
 tcccaacact ttgggaggcc aggacagatc acttgaggtc aggagttcga gaccagccca 1607
 gccaacatgg cgaaaccatg tctctactaa aaatacaaaa attatggtga cgcctgcctg 1667
 tagtcccagc tactcgggag gctgaggcag gaggatcgct tgaaccagg aagtggagac 1727
 tgcagtgagc cgatatcgca ccacagcgt ccagcctggt cgacagagtg agactccatc 1787
 tcaagaaaaa ataaaaataa agttgttctc tgaagagcaa atgtctcatt ccagtaatga 1847
 cccactcagc aggaatatgg tggagttcag tccaattcag gtcagccata tccaaaagac 1907
 cacaagtcac tactaagttg agcaaaagag tttttatcta ttagcagaaa gggectctct 1967
 ggcagcagag attaaaaact ggcccaactt catttccata cttcagggaa cagcaaattg 2027
 aggatttact tatctaggac tt 2049

<210> 4

<211> 248

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Ala Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala
 1 5 10 15

Leu Gln Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln
 20 25 30

Arg Glu Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp
 35 40 45

Val Ala Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp
 50 55 60

Arg Ala Gln Glu Arg Leu Ala Thr Ala Leu Gln Lys Leu Glu Glu Ala
 65 70 75 80

Glu Lys Ala Ala Asp Glu Ser Glu Arg Gly Met Lys Val Ile Glu Asn
 85 90 95

Arg Ala Met Lys Asp Glu Glu Lys Met Glu Ile Gln Glu Met Gln Leu
 100 105 110

Lys Glu Ala Lys His Ile Ala Glu Glu Ala Asp Arg Lys Tyr Glu Glu
 115 120 125

Val Ala Arg Lys Leu Val Ile Leu Glu Gly Glu Leu Glu Arg Ala Glu
 130 135 140

Glu Arg Ala Glu Val Ser Glu Leu Lys Cys Gly Asp Leu Glu Glu Glu
 145 150 155 160

Leu Lys Asn Val Thr Asn Asn Leu Lys Ser Leu Glu Ala Ala Ser Glu
 165 170 175

Lys Tyr Ser Glu Lys Glu Asp Lys Tyr Glu Glu Glu Ile Lys Leu Leu
 180 185 190

Ser Asp Lys Leu Lys Glu Ala Glu Thr Arg Ala Glu Phe Ala Glu Arg
 195 200 205

Thr Val Ala Lys Leu Glu Lys Thr Ile Asp Asp Leu Glu Glu Lys Leu
 210 215 220

Ala Gln Ala Lys Glu Glu Asn Val Gly Leu His Gln Thr Leu Asp Gln
 225 230 235 240

Thr Leu Asn Glu Leu Asn Cys Ile
 245

<210> 5
 <211> 2251
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (154)..(1533)
 <223>

<400> 5
 gccgcgtgca gaggtgctca agcctcctcg cggtcgcgag tcagtgccgc cgcgcccggc 60
 ctcccgcacg ccccgaggt agcgcccccg cccgcggccc agagtgcgct cgcgcccggca 120
 ccagctcccg gataaacggc gcgccgcgcg gag atg aca gcc gag gag atg aag 174
 Met Thr Ala Glu Glu Met Lys
 1 5

gcg acc gag agc ggg gcg cag tcg gcg ccg ctg ccc atg gag gga gtg 222
 Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala Pro Leu Pro Met Glu Gly Val
 10 15 20

gac atc agc ccc aaa cag gac gaa ggc gtg ctg aag gtc atc aag aga 270
 Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly Val Leu Lys Val Ile Lys Arg
 25 30 35

gag ggc aca ggt aca gag atg ccc atg att ggg gac cga gtc ttt gtc 318
 Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met Ile Gly Asp Arg Val Phe Val
 40 45 50 55

cac tac act ggc tgg cta tta gat ggc aca aag ttt gac tcc agt ctg 366
 His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu
 60 65 70

gat cgc aag gac aaa ttc tcc ttt gac ctg gga aaa ggg gag gtc atc 414
 9/201

Asp	Arg	Lys	Asp	Lys	Phe	Ser	Phe	Asp	Leu	Gly	Lys	Gly	Glu	Val	Ile	
			75					80					85			
aag	gct	tgg	gac	att	gcc	ata	gcc	acc	atg	aag	gtg	ggg	gag	gtg	tgc	462
Lys	Ala	Trp	Asp	Ile	Ala	Ile	Ala	Thr	Met	Lys	Val	Gly	Glu	Val	Cys	
		90					95					100				
cac	atc	acc	tgc	aaa	cca	gaa	tat	gcc	tac	ggt	tca	gca	ggc	agt	cct	510
His	Ile	Thr	Cys	Lys	Pro	Glu	Tyr	Ala	Tyr	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Pro	
	105					110					115					
cca	aag	att	ccc	ccc	aat	gcc	acg	ctt	gta	ttt	gag	gtg	gag	ttg	ttt	558
Pro	Lys	Ile	Pro	Pro	Asn	Ala	Thr	Leu	Val	Phe	Glu	Val	Glu	Leu	Phe	
120					125				130						135	
gag	ttt	aag	gga	gaa	gat	ctg	acg	gaa	gag	gaa	gat	ggc	gga	atc	att	606
Glu	Phe	Lys	Gly	Glu	Asp	Leu	Thr	Glu	Glu	Glu	Asp	Gly	Gly	Ile	Ile	
			140					145						150		
cgc	aga	ata	cag	act	cgc	ggt	gaa	ggc	tat	gct	aag	ccc	aat	gag	ggt	654
Arg	Arg	Ile	Gln	Thr	Arg	Gly	Glu	Gly	Tyr	Ala	Lys	Pro	Asn	Glu	Gly	
		155					160					165				
gct	atc	gtg	gag	gtt	gca	ctg	gaa	ggg	tac	tac	aag	gac	aag	ctc	ttt	702
Ala	Ile	Val	Glu	Val	Ala	Leu	Glu	Gly	Tyr	Tyr	Lys	Asp	Lys	Leu	Phe	
	170						175					180				
gac	cag	cgg	gag	ctc	cgc	ttt	gag	att	ggc	gag	ggg	gag	aac	ctg	gat	750
Asp	Gln	Arg	Glu	Leu	Arg	Phe	Glu	Ile	Gly	Glu	Gly	Glu	Asn	Leu	Asp	
	185					190					195					
ctg	cct	tat	ggt	ctg	gag	agg	gcc	att	cag	cgc	atg	gag	aaa	gga	gaa	798
Leu	Pro	Tyr	Gly	Leu	Glu	Arg	Ala	Ile	Gln	Arg	Met	Glu	Lys	Gly	Glu	
200					205				210						215	
cat	tcc	atc	gtg	tac	ctc	aag	ccc	agc	tat	gct	ttt	ggc	agt	gtt	ggg	846
His	Ser	Ile	Val	Tyr	Leu	Lys	Pro	Ser	Tyr	Ala	Phe	Gly	Ser	Val	Gly	
			220					225						230		
aag	gaa	aag	ttc	caa	atc	cca	cca	aat	gct	gag	ctg	aaa	tat	gaa	tta	894
Lys	Glu	Lys	Phe	Gln	Ile	Pro	Pro	Asn	Ala	Glu	Leu	Lys	Tyr	Glu	Leu	
			235					240					245			
cac	ctc	aag	agt	ttt	gaa	aag	gcc	aag	gag	tct	tgg	gag	atg	aat	tca	942
His	Leu	Lys	Ser	Phe	Glu	Lys	Ala	Lys	Glu	Ser	Trp	Glu	Met	Asn	Ser	
	250						255					260				
gaa	gag	aag	ctg	gaa	cag	agc	acc	ata	gtg	aaa	gag	cgg	ggc	act	gtg	990
Glu	Glu	Lys	Leu	Glu	Gln	Ser	Thr	Ile	Val	Lys	Glu	Arg	Gly	Thr	Val	
	265					270					275					

tac ttc aag gaa ggt aaa tac aag caa gct tta cta cag tat aag aag	1038
Tyr Phe Lys Glu Gly Lys Tyr Lys Gln Ala Leu Leu Gln Tyr Lys Lys	
280 285 290 295	
atc gtg tct tgg ctg gaa tat gag tct agt ttt tcc aat gag gaa gca	1086
Ile Val Ser Trp Leu Glu Tyr Glu Ser Ser Phe Ser Asn Glu Glu Ala	
300 305 310	
cag aaa gca cag gcc ctt cga ctg gcc tct cac ctc aac ctg gcc atg	1134
Gln Lys Ala Gln Ala Leu Arg Leu Ala Ser His Leu Asn Leu Ala Met	
315 320 325	
tgt cat ctg aaa cta cag gcc ttc tct gct gcc att gaa agc tgt aac	1182
Cys His Leu Lys Leu Gln Ala Phe Ser Ala Ala Ile Glu Ser Cys Asn	
330 335 340	
aag gcc cta gaa ctg gac agc aac aac gag aag ggc ctc ttc cgc cgg	1230
Lys Ala Leu Glu Leu Asp Ser Asn Asn Glu Lys Gly Leu Phe Arg Arg	
345 350 355	
gga gag gcc cac ctg gcc gtg aat gac ttt gaa ctg gca cgg gct gat	1278
Gly Glu Ala His Leu Ala Val Asn Asp Phe Glu Leu Ala Arg Ala Asp	
360 365 370 375	
ttc cag aag gtc ctg cag ctc tac ccc aac aac aaa gcc gcc aag acc	1326
Phe Gln Lys Val Leu Gln Leu Tyr Pro Asn Asn Lys Ala Ala Lys Thr	
380 385 390	
cag ctg gct gtg tgc cag cag cgg atc cga agg cag ctt gcc cgg gag	1374
Gln Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ile Arg Arg Gln Leu Ala Arg Glu	
395 400 405	
aag aag ctc tat gcc aat atg ttt gag agg ctg gct gag gag gag aac	1422
Lys Lys Leu Tyr Ala Asn Met Phe Glu Arg Leu Ala Glu Glu Glu Asn	
410 415 420	
aag gcc aag gca gag gct tcc tca gga gac cat ccc act gac aca gag	1470
Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ser Ser Gly Asp His Pro Thr Asp Thr Glu	
425 430 435	
atg aag gag gag cag aag agc aac acg gca ggg agc cag tct cag gtg	1518
Met Lys Glu Glu Gln Lys Ser Asn Thr Ala Gly Ser Gln Ser Gln Val	
440 445 450 455	
gag aca gaa gca tag cccctctcca ccagccctac tccctgaggct gcctgcccc	1573
Glu Thr Glu Ala	
cagtcctccc actccaccct gttagttttg taaaaactga agaattttga gtgaattaga	1633

```

cctttatattt tctatctggt tggatggtgg ctttagggga agggggaaag gtgtaggctg 1693
ggggattgag gtggggaatc attttagctg gtgtcagccc ctcttccctt cctccattgc 1753
acatgaacat atgtccatcc atatatatc atcagaatgt taatttatatt tgctccctct 1813
gtttaggtcca ttttctaagg gtagaagagg caagtggtag ggatgaggtc tgataagaac 1873
ccagggtgga gagggagact cctgggcagc cgttttcctc atcctttccc tctcccagtc 1933
catttccaaa tgtggcctcc atgtgggtgc tagggacatg ggaaaaacca ctgctatgcc 1993
atttcttctc tctgttccct tcctcacccc cgacgggtgtg gctgatgatg tcttctggtg 2053
tcatggtgac caccctctgt tccctgttct ggtatttccc ctgtcagttt cccctctcgg 2113
ccaggttggtg tcccaaaatc ccctcagcct cttctctgca cgttgctgaa ggtccaggct 2173
tgcctcaagt tccatgcttg agcaataaag tggaaacaat aaaacctggg tgtcagacaa 2233
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2251

```

<210> 6
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 6

```

Met Thr Ala Glu Glu Met Lys Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala
1           5           10           15

```

```

Pro Leu Pro Met Glu Gly Val Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly
          20           25           30

```

```

Val Leu Lys Val Ile Lys Arg Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met
          35           40           45

```

```

Ile Gly Asp Arg Val Phe Val His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly
          50           55           60

```

```

Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu Asp Arg Lys Asp Lys Phe Ser Phe Asp
65           70           75           80

```

Leu Gly Lys Gly Glu Val Ile Lys Ala Trp Asp Ile Ala Ile Ala Thr
85 90 95

Met Lys Val Gly Glu Val Cys His Ile Thr Cys Lys Pro Glu Tyr Ala
100 105 110

Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Pro Pro Lys Ile Pro Pro Asn Ala Thr Leu
115 120 125

Val Phe Glu Val Glu Leu Phe Glu Phe Lys Gly Glu Asp Leu Thr Glu
130 135 140

Glu Glu Asp Gly Gly Ile Ile Arg Arg Ile Gln Thr Arg Gly Glu Gly
145 150 155 160

Tyr Ala Lys Pro Asn Glu Gly Ala Ile Val Glu Val Ala Leu Glu Gly
165 170 175

Tyr Tyr Lys Asp Lys Leu Phe Asp Gln Arg Glu Leu Arg Phe Glu Ile
180 185 190

Gly Glu Gly Glu Asn Leu Asp Leu Pro Tyr Gly Leu Glu Arg Ala Ile
195 200 205

Gln Arg Met Glu Lys Gly Glu His Ser Ile Val Tyr Leu Lys Pro Ser
210 215 220

Tyr Ala Phe Gly Ser Val Gly Lys Glu Lys Phe Gln Ile Pro Pro Asn
225 230 235 240

Ala Glu Leu Lys Tyr Glu Leu His Leu Lys Ser Phe Glu Lys Ala Lys
245 250 255

Glu Ser Trp Glu Met Asn Ser Glu Glu Lys Leu Glu Gln Ser Thr Ile
260 265 270

Val Lys Glu Arg Gly Thr Val Tyr Phe Lys Glu Gly Lys Tyr Lys Gln
13/201

275

280

285

Ala Leu Leu Gln Tyr Lys Lys Ile Val Ser Trp Leu Glu Tyr Glu Ser
 290 295 300

Ser Phe Ser Asn Glu Glu Ala Gln Lys Ala Gln Ala Leu Arg Leu Ala
 305 310 315 320

Ser His Leu Asn Leu Ala Met Cys His Leu Lys Leu Gln Ala Phe Ser
 325 330 335

Ala Ala Ile Glu Ser Cys Asn Lys Ala Leu Glu Leu Asp Ser Asn Asn
 340 345 350

Glu Lys Gly Leu Phe Arg Arg Gly Glu Ala His Leu Ala Val Asn Asp
 355 360 365

Phe Glu Leu Ala Arg Ala Asp Phe Gln Lys Val Leu Gln Leu Tyr Pro
 370 375 380

Asn Asn Lys Ala Ala Lys Thr Gln Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ile
 385 390 395 400

Arg Arg Gln Leu Ala Arg Glu Lys Lys Leu Tyr Ala Asn Met Phe Glu
 405 410 415

Arg Leu Ala Glu Glu Glu Asn Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ser Ser Gly
 420 425 430

Asp His Pro Thr Asp Thr Glu Met Lys Glu Glu Gln Lys Ser Asn Thr
 435 440 445

Ala Gly Ser Gln Ser Gln Val Glu Thr Glu Ala
 450 455

<210> 7
 <211> 2562
 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (56)..(1651)

<223>

<400> 7

gccgcgcgg ctctgggcac tcagcatcgt ttccttttcc tccgctggag cagct atg 58
 Met
 1

gcg gcg gtg aag acc ctg aac ccc aag gcc gag gtg gcc cga gcg cag 106
 Ala Ala Val Lys Thr Leu Asn Pro Lys Ala Glu Val Ala Arg Ala Gln
 5 10 15

gcg gcg ctg gcg gtc aac atc agc gca gcg cgg ggt ctg cag gac gtg 154
 Ala Ala Leu Ala Val Asn Ile Ser Ala Ala Arg Gly Leu Gln Asp Val
 20 25 30

cta agg acc aac ctg ggg ccc aag ggc acc atg aag atg ctc gtt tct 202
 Leu Arg Thr Asn Leu Gly Pro Lys Gly Thr Met Lys Met Leu Val Ser
 35 40 45

ggc gct gga gac atc aaa ctt act aaa gac ggc aat gtg ctg ctt cac 250
 Gly Ala Gly Asp Ile Lys Leu Thr Lys Asp Gly Asn Val Leu Leu His
 50 55 60 65

gaa atg caa att caa cac cca aca gct tcc tta ata gca aag gta gca 298
 Glu Met Gln Ile Gln His Pro Thr Ala Ser Leu Ile Ala Lys Val Ala
 70 75 80

aca gcc cag gat gat ata act ggt gat ggt acg act tct aat gtc cta 346
 Thr Ala Gln Asp Asp Ile Thr Gly Asp Gly Thr Thr Ser Asn Val Leu
 85 90 95

atc att gga gag ctg ctg aaa cag gcg gat ctc tac att tct gaa ggc 394
 Ile Ile Gly Glu Leu Leu Lys Gln Ala Asp Leu Tyr Ile Ser Glu Gly
 100 105 110

ctt cat cct aga ata atc act gaa gga ttt gaa gct gca aag gaa aag 442
 Leu His Pro Arg Ile Ile Thr Glu Gly Phe Glu Ala Ala Lys Glu Lys
 115 120 125

gcc ctt cag ttt ttg gaa gaa gtc aaa gta agc aga gag atg gac agg 490
 Ala Leu Gln Phe Leu Glu Glu Val Lys Val Ser Arg Glu Met Asp Arg
 130 135 140 145

gaa aca ctt ata gat gtg gcc aga aca tct ctt cgt act aaa gtt cat 538
 Glu Thr Leu Ile Asp Val Ala Arg Thr Ser Leu Arg Thr Lys Val His
 15/201

150	155	160	
gct gaa ctt gca gat gtc tta aca gag gct gta gtg gac tcc att ttg			586
Ala Glu Leu Ala Asp Val Leu Thr Glu Ala Val Val Asp Ser Ile Leu			
165	170	175	
gcc att aaa aag caa gat gaa cct att gat ctc ttc atg att gag atc			634
Ala Ile Lys Lys Gln Asp Glu Pro Ile Asp Leu Phe Met Ile Glu Ile			
180	185	190	
atg gag atg aaa cat aaa tct gaa act gat aca agc tta atc aga ggg			682
Met Glu Met Lys His Lys Ser Glu Thr Asp Thr Ser Leu Ile Arg Gly			
195	200	205	
ctt gtt ttg gac cac gga gca cgg cat cct gat atg aag aaa agg gtg			730
Leu Val Leu Asp His Gly Ala Arg His Pro Asp Met Lys Lys Arg Val			
210	215	220 225	
gag gat gca tac atc ctc act tgt aac gtg tca tta gag tat gag aaa			778
Glu Asp Ala Tyr Ile Leu Thr Cys Asn Val Ser Leu Glu Tyr Glu Lys			
230	235	240	
aca gaa gtg aat tct ggc ttt ttt tac aag agt gca gaa gag aga gaa			826
Thr Glu Val Asn Ser Gly Phe Phe Tyr Lys Ser Ala Glu Glu Arg Glu			
245	250	255	
aaa ctc gtg aaa gct gaa aga aaa ttc att gaa gat agg gtt aaa aaa			874
Lys Leu Val Lys Ala Glu Arg Lys Phe Ile Glu Asp Arg Val Lys Lys			
260	265	270	
ata ata gaa ctg aaa agg aaa gtc tgt ggc gat tca gat aaa gga ttt			922
Ile Ile Glu Leu Lys Arg Lys Val Cys Gly Asp Ser Asp Lys Gly Phe			
275	280	285	
gtt gtt att aat caa aag gga att gac ccc ttt tcc tta gat gct ctt			970
Val Val Ile Asn Gln Lys Gly Ile Asp Pro Phe Ser Leu Asp Ala Leu			
290	295	300 305	
tca aaa gaa ggc ata gtc gct ctg cgc aga gct aaa agg aga aat atg			1018
Ser Lys Glu Gly Ile Val Ala Leu Arg Arg Ala Lys Arg Arg Asn Met			
310	315	320	
gag agg ctg act ctt gct tgt ggt ggg gta gcc ctg aat tct ttt gac			1066
Glu Arg Leu Thr Leu Ala Cys Gly Gly Val Ala Leu Asn Ser Phe Asp			
325	330	335	
gac cta agt cct gac tgc ttg gga cat gca gga ctt gta tat gag tat			1114
Asp Leu Ser Pro Asp Cys Leu Gly His Ala Gly Leu Val Tyr Glu Tyr			
340	345	350	

aca ttg gga gaa gag aag ttt acc ttt att gag aaa tgt aac aac cct 1162
 Thr Leu Gly Glu Glu Lys Phe Thr Phe Ile Glu Lys Cys Asn Asn Pro
 355 360 365

cgt tct gtc aca tta ttg atc aaa gga cca aat aag cac aca ctc act 1210
 Arg Ser Val Thr Leu Leu Ile Lys Gly Pro Asn Lys His Thr Leu Thr
 370 375 380 385

cag atc aaa gat gca gtg agg gac ggc ttg agg gct gtc aaa aat gct 1258
 Gln Ile Lys Asp Ala Val Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Lys Asn Ala
 390 395 400

att gat gat ggc tgt gtg gtt cca ggt gct ggt gcc gtg gaa gtg gca 1306
 Ile Asp Asp Gly Cys Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Val Glu Val Ala
 405 410 415

atg gca gaa gcc ctg att aaa cat aag ccc agt gta aag ggc agg gca 1354
 Met Ala Glu Ala Leu Ile Lys His Lys Pro Ser Val Lys Gly Arg Ala
 420 425 430

cag ctt gga gtc caa gca ttt gct gat gca ttg ctc att att ccc aag 1402
 Gln Leu Gly Val Gln Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Ile Ile Pro Lys
 435 440 445

gtt ctt gct cag aac tct ggt ttt gac ctt cag gaa aca tta gtt aaa 1450
 Val Leu Ala Gln Asn Ser Gly Phe Asp Leu Gln Glu Thr Leu Val Lys
 450 455 460 465

att caa gca gaa cat tca gaa tca ggt cag ctt gtg ggt gtg gac ctg 1498
 Ile Gln Ala Glu His Ser Glu Ser Gly Gln Leu Val Gly Val Asp Leu
 470 475 480

aac aca ggt gag cca atg gtg gca gca gaa gta ggc gta tgg gat aac 1546
 Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp Asn
 485 490 495

tat tgt gta aag aaa cag ctt ctt cac tcc tgc act gtg att gcc acc 1594
 Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala Thr
 500 505 510

aac att ctc ttg gtt gat gag atc atg cga gct gga atg tct tct ctg 1642
 Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser Leu
 515 520 525

aaa ggt tga attgaagctt cctctgtatc tgaatcttga agactgcaaa 1691
 Lys Gly
 530

gtgatcctga ggattacagc tgtggaattt ttgtccaagc ttcaaataat tttgaaagaa 1751

```

atcccccat atgaaaaaag gagagaacac tggcatctgt tgaaatttgg aagttctgaa 1811
attatagtat ttttaaaaat tgcactgaag tgtatacaca taaagcaggt cttttatcca 1871
gtgaacagga tgttttgctt tagcagcagt gacataaaat tccatgtagg ataagcatat 1931
gttacttacc ttgttattaa atatttcttg aaaagcaaat tttaatgggt aattttatgt 1991
ggacgtatgt taaattatcc aaactaccct attgttaagc atttggtttt aaaattttta 2051
tgctaataata aatgctcaag taatttaaaa tattgaaagc atccctgttg gtataaattt 2111
ctgagtaaat gcattggatc agttggactt tgaacgccct ttgaaatggc ttgctaaaa 2171
tgctcccgcc acaaagttgt aggaaatggg aagaggagtc aactagaggc aaggagttg 2231
agagagctgc aactgtaaag ggcaagaaca ggcagaggta aaaagatgat ggaaggtgtg 2291
gtgactaagg gccacgggta ttgggtgaaa ttgagatgt aggccaactg tattttcaag 2351
cttctgaact taaggcaaaa tattcatcgc aaagtctcta gcgtcatatt tttctcacc 2411
aaattacgtt tccacgaggt attatatata gttggtctat ctctgcagtc cttgaaggtg 2471
aagttgtgtg ttactaggct gtgttttggg atgtcagcag tggcctgaag tgagttgtgc 2531
aataaatggtt aagttgaaac ctcaaaaaaa a 2562

```

<210> 8
 <211> 531
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 8

```

Met Ala Ala Val Lys Thr Leu Asn Pro Lys Ala Glu Val Ala Arg Ala
1           5           10           15

```

```

Gln Ala Ala Leu Ala Val Asn Ile Ser Ala Ala Arg Gly Leu Gln Asp
20           25           30

```

```

Val Leu Arg Thr Asn Leu Gly Pro Lys Gly Thr Met Lys Met Leu Val
35           40           45

```

```

Ser Gly Ala Gly Asp Ile Lys Leu Thr Lys Asp Gly Asn Val Leu Leu
50           55           60

```

His Glu Met Gln Ile Gln His Pro Thr Ala Ser Leu Ile Ala Lys Val
65 70 75 80

Ala Thr Ala Gln Asp Asp Ile Thr Gly Asp Gly Thr Thr Ser Asn Val
85 90 95

Leu Ile Ile Gly Glu Leu Leu Lys Gln Ala Asp Leu Tyr Ile Ser Glu
100 105 110

Gly Leu His Pro Arg Ile Ile Thr Glu Gly Phe Glu Ala Ala Lys Glu
115 120 125

Lys Ala Leu Gln Phe Leu Glu Glu Val Lys Val Ser Arg Glu Met Asp
130 135 140

Arg Glu Thr Leu Ile Asp Val Ala Arg Thr Ser Leu Arg Thr Lys Val
145 150 155 160

His Ala Glu Leu Ala Asp Val Leu Thr Glu Ala Val Val Asp Ser Ile
165 170 175

Leu Ala Ile Lys Lys Gln Asp Glu Pro Ile Asp Leu Phe Met Ile Glu
180 185 190

Ile Met Glu Met Lys His Lys Ser Glu Thr Asp Thr Ser Leu Ile Arg
195 200 205

Gly Leu Val Leu Asp His Gly Ala Arg His Pro Asp Met Lys Lys Arg
210 215 220

Val Glu Asp Ala Tyr Ile Leu Thr Cys Asn Val Ser Leu Glu Tyr Glu
225 230 235 240

Lys Thr Glu Val Asn Ser Gly Phe Phe Tyr Lys Ser Ala Glu Glu Arg
245 250 255

Glu Lys Leu Val Lys Ala Glu Arg Lys Phe Ile Glu Asp Arg Val Lys
 260 265 270

Lys Ile Ile Glu Leu Lys Arg Lys Val Cys Gly Asp Ser Asp Lys Gly
 275 280 285

Phe Val Val Ile Asn Gln Lys Gly Ile Asp Pro Phe Ser Leu Asp Ala
 290 295 300

Leu Ser Lys Glu Gly Ile Val Ala Leu Arg Arg Ala Lys Arg Arg Asn
 305 310 315 320

Met Glu Arg Leu Thr Leu Ala Cys Gly Gly Val Ala Leu Asn Ser Phe
 325 330 335

Asp Asp Leu Ser Pro Asp Cys Leu Gly His Ala Gly Leu Val Tyr Glu
 340 345 350

Tyr Thr Leu Gly Glu Glu Lys Phe Thr Phe Ile Glu Lys Cys Asn Asn
 355 360 365

Pro Arg Ser Val Thr Leu Leu Ile Lys Gly Pro Asn Lys His Thr Leu
 370 375 380

Thr Gln Ile Lys Asp Ala Val Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Lys Asn
 385 390 395 400

Ala Ile Asp Asp Gly Cys Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Val Glu Val
 405 410 415

Ala Met Ala Glu Ala Leu Ile Lys His Lys Pro Ser Val Lys Gly Arg
 420 425 430

Ala Gln Leu Gly Val Gln Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Ile Ile Pro
 435 440 445

Lys Val Leu Ala Gln Asn Ser Gly Phe Asp Leu Gln Glu Thr Leu Val
 450 455 460

Lys Ile Gln Ala Glu His Ser Glu Ser Gly Gln Leu Val Gly Val Asp
 465 470 475 480

Leu Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp
 485 490 495

Asn Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala
 500 505 510

Thr Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser
 515 520 525

Leu Lys Gly
 530

<210> 9
 <211> 2208
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (230).. (1486)
 <223>

<400> 9
 tctttggcgtt tttttggcgg agctggggcg ccctccggaa gcgtttccaa ctttccagaa 60
 gttttctcggg acgggcagga gggggtgggg actgccatat atagatcccg ggagcagggg 120
 agcgggctaa gagtagaatc gtgtcgcggc tcgagagcga gagtcacgtc ccggcgctag 180
 cccagcccga cccaggccca ccgtggtgca cgcaaaccac ttcttg gcc atg cgc tcc 238
 Met Arg Ser
 1

ctc ctg ctt ctc agc gcc ttc tgc ctc ctg gag gcg gcc ctg gcc gcc 286
 Leu Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala Leu Ala Ala
 5 10 15

gag gtg aag aaa cct gca gcc gca gca gct cct ggc act gcg gag aag 334
 Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr Ala Glu Lys
 20 25 30 35

ttg agc ccc aag gcg gcc acg ctt gcc gag cgc agc gcc ggc ctg gcc Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala Gly Leu Ala 40 45 50	382
ttc agc ttg tac cag gcc atg gcc aag gac cag gca gtg gag aac atc Phe Ser Leu Tyr Gln Ala Met Ala Lys Asp Gln Ala Val Glu Asn Ile 55 60 65	430
ctg gtg tca ccc gtg gtg gtg gcc tgc tgc cta ggg ctc gtg tgc ctg Leu Val Ser Pro Val Val Val Ala Ser Ser Leu Gly Leu Val Ser Leu 70 75 80	478
ggc ggc aag gcg acc acg gcg tgc cag gcc aag gca gtg ctg agc gcc Gly Gly Lys Ala Thr Thr Ala Ser Gln Ala Lys Ala Val Leu Ser Ala 85 90 95	526
gag cag ctg cgc gac gag gag gtg cac gcc ggc ctg ggc gag ctg ctg Glu Gln Leu Arg Asp Glu Glu Val His Ala Gly Leu Gly Glu Leu Leu 100 105 110 115	574
cgc tca ctc agc aac tcc acg gcg cgc aac gtg acc tgg aag ctg ggc Arg Ser Leu Ser Asn Ser Thr Ala Arg Asn Val Thr Trp Lys Leu Gly 120 125 130	622
agc cga ctg tac gga ccc agc tca gtg agc ttc gct gat gac ttc gtg Ser Arg Leu Tyr Gly Pro Ser Ser Val Ser Phe Ala Asp Asp Phe Val 135 140 145	670
cgc agc agc aag cag cac tac aac tgc gag cac tcc aag atc aac ttc Arg Ser Ser Lys Gln His Tyr Asn Cys Glu His Ser Lys Ile Asn Phe 150 155 160	718
cgc gac aag cgc agc gcg ctg cag tcc atc aac gag tgg gcc gcg cag Arg Asp Lys Arg Ser Ala Leu Gln Ser Ile Asn Glu Trp Ala Ala Gln 165 170 175	766
acc acc gac ggc aag ctg ccc gag gtc acc aag gac gtg gag cgc acg Thr Thr Asp Gly Lys Leu Pro Glu Val Thr Lys Asp Val Glu Arg Thr 180 185 190 195	814
gac ggc gcc ctg cta gtc aac gcc atg ttc ttc aag cca cac tgg gat Asp Gly Ala Leu Leu Val Asn Ala Met Phe Phe Lys Pro His Trp Asp 200 205 210	862
gag aaa ttc cac cac aag atg gtg gac aac cgt ggc ttc atg gtg act Glu Lys Phe His His Lys Met Val Asp Asn Arg Gly Phe Met Val Thr 215 220 225	910
cgg tcc tat acc gtg ggt gtc atg atg atg cac cgg aca ggc ctc tac 22/201	958

Arg	Ser	Tyr	Thr	Val	Gly	Val	Met	Met	Met	His	Arg	Thr	Gly	Leu	Tyr		
		230					235					240					
aac	tac	tac	gac	gac	gag	aag	gaa	aag	ctg	caa	atc	gtg	gag	atg	ccc	1006	
Asn	Tyr	Tyr	Asp	Asp	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Gln	Ile	Val	Glu	Met	Pro		
	245					250				255							
ctg	gcc	cac	aag	ctc	tcc	agc	ctc	atc	atc	ctc	atg	ccc	cat	cac	gtg	1054	
Leu	Ala	His	Lys	Leu	Ser	Ser	Leu	Ile	Ile	Leu	Met	Pro	His	His	Val		
260					265				270						275		
gag	cct	ctc	gag	cgc	ctt	gaa	aag	ctg	cta	acc	aaa	gag	cag	ctg	aag	1102	
Glu	Pro	Leu	Glu	Arg	Leu	Glu	Lys	Leu	Leu	Thr	Lys	Glu	Gln	Leu	Lys		
				280				285						290			
atc	tgg	atg	ggg	aag	atg	cag	aag	aag	gct	gtt	gcc	atc	tcc	ttg	ccc	1150	
Ile	Trp	Met	Gly	Lys	Met	Gln	Lys	Lys	Ala	Val	Ala	Ile	Ser	Leu	Pro		
			295				300						305				
aag	ggt	gtg	gtg	gag	gtg	acc	cat	gac	ctg	cag	aaa	cac	ctg	gct	ggg	1198	
Lys	Gly	Val	Val	Glu	Val	Thr	His	Asp	Leu	Gln	Lys	His	Leu	Ala	Gly		
	310						315					320					
ctg	ggc	ctg	act	gag	gcc	att	gac	aag	aac	aag	gcc	gac	ttg	tca	cgc	1246	
Leu	Gly	Leu	Thr	Glu	Ala	Ile	Asp	Lys	Asn	Lys	Ala	Asp	Leu	Ser	Arg		
	325					330					335						
atg	tca	ggc	aag	aag	gac	ctg	tac	ctg	gcc	agc	gtg	ttc	cac	gcc	acc	1294	
Met	Ser	Gly	Lys	Lys	Asp	Leu	Tyr	Leu	Ala	Ser	Val	Phe	His	Ala	Thr		
340					345				350						355		
gcc	ttt	gag	ttg	gac	aca	gat	ggc	aac	ccc	ttt	gac	cag	gac	atc	tac	1342	
Ala	Phe	Glu	Leu	Asp	Thr	Asp	Gly	Asn	Pro	Phe	Asp	Gln	Asp	Ile	Tyr		
				360				365						370			
ggg	cgc	gag	gag	ctg	cgc	agc	ccc	aag	ctg	ttc	tac	gcc	gac	cac	ccc	1390	
Gly	Arg	Glu	Glu	Leu	Arg	Ser	Pro	Lys	Leu	Phe	Tyr	Ala	Asp	His	Pro		
		375					380						385				
ttc	atc	ttc	cta	gtg	cgg	gac	acc	caa	agc	ggc	tcc	ctg	cta	ttc	att	1438	
Phe	Ile	Phe	Leu	Val	Arg	Asp	Thr	Gln	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Phe	Ile		
	390					395						400					
ggg	cgc	ctg	gtc	cgg	cct	aag	ggt	gac	aag	atg	cga	gac	gag	tta	tag	1486	
Gly	Arg	Leu	Val	Arg	Pro	Lys	Gly	Asp	Lys	Met	Arg	Asp	Glu	Leu			
	405					410				415							
ggcctcaggg	tgccacacagg	atggcaggag	gcacccaaag	gctcctgaga	cacatgggtg											1546	
ctattgggggt	tggggggggag	gtgaggtacc	agccttggat	actccatggg	gtggggggtg											1606	

aaaaacagac cgggggttccc gtgtgcctga ggggaccttc ccagctagaa ttactccac 1666
 ttggacatgg gccccagata ccatgatgct gagcccgaa actccacatc ctgtgggacc 1726
 tgggccatag tcattctgcc tgccctgaaa gtcccagatc aagcctgcct caatcagtat 1786
 tcatatttat agccaggtac cttctcacct gtgagaccaa attgagctag gggggtcagc 1846
 cagccctctt ctgacactaa aacacctcag ctgcctcccc agctctatcc caacctctcc 1906
 caactataaa actaggtgct gcagcccctg ggaccaggca cccccagaat gacctggccg 1966
 cagtgaggcg gattgagaag gagctcccag gaggggcttc tgggcagact ctggtcaaga 2026
 agcatcgtgt ctggcgttgt ggggatgaac ttttgtttt gttcttcct ttttagttc 2086
 ttcaaagata gggagggaag ggggaacatg agcctttgtt gctatcaatc caagaactta 2146
 tttgtacatt tttttttca ataaaacttt tccaatgaca ttttgttga gcgtggaaaa 2206
 aa 2208

<210> 10
 <211> 418
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 10

Met Arg Ser Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala
 1 5 10 15

Leu Ala Ala Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr
 20 25 30

Ala Glu Lys Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala
 35 40 45

Gly Leu Ala Phe Ser Leu Tyr Gln Ala Met Ala Lys Asp Gln Ala Val
 50 55 60

Glu Asn Ile Leu Val Ser Pro Val Val Val Ala Ser Ser Leu Gly Leu
 65 70 75 80

Val Ser Leu Gly Gly Lys Ala Thr Thr Ala Ser Gln Ala Lys Ala Val
85 90 95

Leu Ser Ala Glu Gln Leu Arg Asp Glu Glu Val His Ala Gly Leu Gly
100 105 110

Glu Leu Leu Arg Ser Leu Ser Asn Ser Thr Ala Arg Asn Val Thr Trp
115 120 125

Lys Leu Gly Ser Arg Leu Tyr Gly Pro Ser Ser Val Ser Phe Ala Asp
130 135 140

Asp Phe Val Arg Ser Ser Lys Gln His Tyr Asn Cys Glu His Ser Lys
145 150 155 160

Ile Asn Phe Arg Asp Lys Arg Ser Ala Leu Gln Ser Ile Asn Glu Trp
165 170 175

Ala Ala Gln Thr Thr Asp Gly Lys Leu Pro Glu Val Thr Lys Asp Val
180 185 190

Glu Arg Thr Asp Gly Ala Leu Leu Val Asn Ala Met Phe Phe Lys Pro
195 200 205

His Trp Asp Glu Lys Phe His His Lys Met Val Asp Asn Arg Gly Phe
210 215 220

Met Val Thr Arg Ser Tyr Thr Val Gly Val Met Met Met His Arg Thr
225 230 235 240

Gly Leu Tyr Asn Tyr Tyr Asp Asp Glu Lys Glu Lys Leu Gln Ile Val
245 250 255

Glu Met Pro Leu Ala His Lys Leu Ser Ser Leu Ile Ile Leu Met Pro
260 265 270

His His Val Glu Pro Leu Glu Arg Leu Glu Lys Leu Leu Thr Lys Glu
25/201

275 280 285
 Gln Leu Lys Ile Trp Met Gly Lys Met Gln Lys Lys Ala Val Ala Ile
 290 295 300
 Ser Leu Pro Lys Gly Val Val Glu Val Thr His Asp Leu Gln Lys His
 305 310 315 320
 Leu Ala Gly Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp
 325 330 335
 Leu Ser Arg Met Ser Gly Lys Lys Asp Leu Tyr Leu Ala Ser Val Phe
 340 345 350
 His Ala Thr Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln
 355 360 365
 Asp Ile Tyr Gly Arg Glu Glu Leu Arg Ser Pro Lys Leu Phe Tyr Ala
 370 375 380
 Asp His Pro Phe Ile Phe Leu Val Arg Asp Thr Gln Ser Gly Ser Leu
 385 390 395 400
 Leu Phe Ile Gly Arg Leu Val Arg Pro Lys Gly Asp Lys Met Arg Asp
 405 410 415

Glu Leu

<210> 11
 <211> 1690
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (77)..(1429)
 <223>

<400> 11

ggcacgagga aggtttttgc tgcgccaacg cagtgaccga aggctccgct cagccccggc 60
 ctgatactgc ctgaag atg gtg cca ctg gtg gct gtg gta tca ggg ccc cgt 112
 Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg
 1 5 10
 gcc cag ctc ttt gcc tgc ctg ctc agg ctg ggc act cag cag gtc ggc 160
 Ala Gln Leu Phe Ala Cys Leu Leu Arg Leu Gly Thr Gln Gln Val Gly
 15 20 25
 ccc ctt cag ctg cac acc ggg gcc agc cat gcg gcc agg aac cat tat 208
 Pro Leu Gln Leu His Thr Gly Ala Ser His Ala Ala Arg Asn His Tyr
 30 35 40
 gag gtg ctg gtg ctg ggt ggg ggc agt ggc gga atc acc atg gct gcc 256
 Glu Val Leu Val Leu Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Thr Met Ala Ala
 45 50 55 60
 cgc atg aag agg aaa gtg ggt gca gag aat gtg gcc att gtt gag ccc 304
 Arg Met Lys Arg Lys Val Gly Ala Glu Asn Val Ala Ile Val Glu Pro
 65 70 75
 agt gag aga cat ttc tac cag cca atc tgg aca ctg gtg ggt gct ggt 352
 Ser Glu Arg His Phe Tyr Gln Pro Ile Trp Thr Leu Val Gly Ala Gly
 80 85 90
 gcc aaa caa ttg tcc tca tct ggt cgt ccc acg gca agt gtg att cca 400
 Ala Lys Gln Leu Ser Ser Ser Gly Arg Pro Thr Ala Ser Val Ile Pro
 95 100 105
 tct ggt gta gaa tgg atc aaa gct aga gtg act gag ttg aac cca gac 448
 Ser Gly Val Glu Trp Ile Lys Ala Arg Val Thr Glu Leu Asn Pro Asp
 110 115 120
 aag aac tgc att cac aca gat gac gac gag aag atc tcc tac cga tat 496
 Lys Asn Cys Ile His Thr Asp Asp Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Arg Tyr
 125 130 135 140
 ctt att att gct ctc gga atc cag ctg gac tat gag aag att aaa ggc 544
 Leu Ile Ile Ala Leu Gly Ile Gln Leu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Gly
 145 150 155
 cta cct gaa ggt ttc gct cat ccc aaa ata ggg tcg aat tat tca gtt 592
 Leu Pro Glu Gly Phe Ala His Pro Lys Ile Gly Ser Asn Tyr Ser Val
 160 165 170
 aag act gta gag aag aca tgg aaa gct ctg cag gac ttc aaa gag ggc 640
 Lys Thr Val Glu Lys Thr Trp Lys Ala Leu Gln Asp Phe Lys Glu Gly
 175 180 185

aat gcc atc ttc acc ttc cca aat act cca gtg aag tgt gct gga gcc	688
Asn Ala Ile Phe Thr Phe Pro Asn Thr Pro Val Lys Cys Ala Gly Ala	
190 195 200	
cct cag aag atc atg tac tta tca gaa gcc tac ttc agg aag aca ggg	736
Pro Gln Lys Ile Met Tyr Leu Ser Glu Ala Tyr Phe Arg Lys Thr Gly	
205 210 215 220	
aag cga tcc aag gcc aat atc att ttc aac act tct ctt gga gcc att	784
Lys Arg Ser Lys Ala Asn Ile Ile Phe Asn Thr Ser Leu Gly Ala Ile	
225 230 235	
ttc ggg gtt aag aag tat gca gat gcc ctg cag gag atc atc cag gag	832
Phe Gly Val Lys Lys Tyr Ala Asp Ala Leu Gln Glu Ile Ile Gln Glu	
240 245 250	
cgg aac ctc act gtt aac tac aag aaa aac ctc att gaa gtc cga gcc	880
Arg Asn Leu Thr Val Asn Tyr Lys Lys Asn Leu Ile Glu Val Arg Ala	
255 260 265	
gat aaa caa gag gct gta ttt gag aac ctg gac aaa cca gga gag acc	928
Asp Lys Gln Glu Ala Val Phe Glu Asn Leu Asp Lys Pro Gly Glu Thr	
270 275 280	
caa gtg att tca tat gaa atg ctt cat gtc aca cct cca atg agc cca	976
Gln Val Ile Ser Tyr Glu Met Leu His Val Thr Pro Pro Met Ser Pro	
285 290 295 300	
cca gat gtc ctc aag acc agt cct gtg gct gat gct gct ggt tgg gtg	1024
Pro Asp Val Leu Lys Thr Ser Pro Val Ala Asp Ala Ala Gly Trp Val	
305 310 315	
gat gtg gat aaa gaa act ctg caa cac agg agg tac cca aat gtg ttt	1072
Asp Val Asp Lys Glu Thr Leu Gln His Arg Arg Tyr Pro Asn Val Phe	
320 325 330	
ggg att ggg gac tgc acc aac ctt cct acg tca aag acc gct gct gca	1120
Gly Ile Gly Asp Cys Thr Asn Leu Pro Thr Ser Lys Thr Ala Ala Ala	
335 340 345	
gta gct gcc cag tca gga ata ctt gat agg aca att tct gta att atg	1168
Val Ala Ala Gln Ser Gly Ile Leu Asp Arg Thr Ile Ser Val Ile Met	
350 355 360	
aag aat caa aca cca aca aag aag tat gat ggc tac aca tca tgt cca	1216
Lys Asn Gln Thr Pro Thr Lys Lys Tyr Asp Gly Tyr Thr Ser Cys Pro	
365 370 375 380	
ctg gtg acc ggc tac aac cgt gtg att ctt gct gag ttt gac tac aaa	1264
Leu Val Thr Gly Tyr Asn Arg Val Ile Leu Ala Glu Phe Asp Tyr Lys	
28/201	

385 390 395

gca gag ccg cta gaa acc ttc ccc ttt gat caa agc aaa gag cgc ctt 1312
 Ala Glu Pro Leu Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu
 400 405 410

tcc atg tat ctc atg aaa gct gac ctg atg cct ttc ctg tat tgg aat 1360
 Ser Met Tyr Leu Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn
 415 420 425

atg atg cta agg ggt tac tgg gga gga cca gcg ttt ctg cgc aag ttg 1408
 Met Met Leu Arg Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu
 430 435 440

ttt cat cta ggt atg agt taa ggatggctca gcacttgctc atcttggatg 1459
 Phe His Leu Gly Met Ser
 445 450

gcttctgggc caaaactgca gtcactgaat gaccaagagc agcacgaagg acttgggaacc 1519

tatccttgta aagagttcct tgatgggtaa tggtagaccaa atgcctccct tttcagtacc 1579

tttgaacagc aaccatgtgg gctactcatg atgggcttga ttctttggga ataataaaat 1639

gaaataatac ttttattttc tgaataaaag tttgtcactg aaaaaaaaaa a 1690

<210> 12
 <211> 450
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 12

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg Ala Gln Leu Phe
 1 5 10 15

Ala Cys Leu Leu Arg Leu Gly Thr Gln Gln Val Gly Pro Leu Gln Leu
 20 25 30

His Thr Gly Ala Ser His Ala Ala Arg Asn His Tyr Glu Val Leu Val
 35 40 45

Leu Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Thr Met Ala Ala Arg Met Lys Arg
 50 55 60

Lys Val Gly Ala Glu Asn Val Ala Ile Val Glu Pro Ser Glu Arg His
 65 70 75 80

Phe Tyr Gln Pro Ile Trp Thr Leu Val Gly Ala Gly Ala Lys Gln Leu
 85 90 95

Ser Ser Ser Gly Arg Pro Thr Ala Ser Val Ile Pro Ser Gly Val Glu
 100 105 110

Trp Ile Lys Ala Arg Val Thr Glu Leu Asn Pro Asp Lys Asn Cys Ile
 115 120 125

His Thr Asp Asp Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Arg Tyr Leu Ile Ile Ala
 130 135 140

Leu Gly Ile Gln Leu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Gly Leu Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Phe Ala His Pro Lys Ile Gly Ser Asn Tyr Ser Val Lys Thr Val Glu
 165 170 175

Lys Thr Trp Lys Ala Leu Gln Asp Phe Lys Glu Gly Asn Ala Ile Phe
 180 185 190

Thr Phe Pro Asn Thr Pro Val Lys Cys Ala Gly Ala Pro Gln Lys Ile
 195 200 205

Met Tyr Leu Ser Glu Ala Tyr Phe Arg Lys Thr Gly Lys Arg Ser Lys
 210 215 220

Ala Asn Ile Ile Phe Asn Thr Ser Leu Gly Ala Ile Phe Gly Val Lys
 225 230 235 240

Lys Tyr Ala Asp Ala Leu Gln Glu Ile Ile Gln Glu Arg Asn Leu Thr
 245 250 255

Val Asn Tyr Lys Lys Asn Leu Ile Glu Val Arg Ala Asp Lys Gln Glu
 260 265 270

Ala Val Phe Glu Asn Leu Asp Lys Pro Gly Glu Thr Gln Val Ile Ser
275 280 285

Tyr Glu Met Leu His Val Thr Pro Pro Met Ser Pro Pro Asp Val Leu
290 295 300

Lys Thr Ser Pro Val Ala Asp Ala Ala Gly Trp Val Asp Val Asp Lys
305 310 315 320

Glu Thr Leu Gln His Arg Arg Tyr Pro Asn Val Phe Gly Ile Gly Asp
325 330 335

Cys Thr Asn Leu Pro Thr Ser Lys Thr Ala Ala Ala Val Ala Ala Gln
340 345 350

Ser Gly Ile Leu Asp Arg Thr Ile Ser Val Ile Met Lys Asn Gln Thr
355 360 365

Pro Thr Lys Lys Tyr Asp Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Val Thr Gly
370 375 380

Tyr Asn Arg Val Ile Leu Ala Glu Phe Asp Tyr Lys Ala Glu Pro Leu
385 390 395 400

Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu Ser Met Tyr Leu
405 410 415

Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn Met Met Leu Arg
420 425 430

Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu Phe His Leu Gly
435 440 445

Met Ser
450

<210> 13
 <211> 2593
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (49).. (2259)
 <223>

<400> 13
 ggccagcgcg tctgcttggt cgtgtgtgtg tcgttcgagg ccttattc atg ggc tca 57
 Met Gly Ser
 1

ccg ctg agg ttc gac ggg cgg gtg gta ctg gtc acc ggc gcg ggg gca 105
 Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly Ala Gly Ala
 5 10 15

gga ttg ggc cga gcc tat gcc ctg gct ttt gca gaa aga gga gcg tta 153
 Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg Gly Ala Leu
 20 25 30 35

gtt gtt gtg aat gat ttg gga ggg gac ttc aaa gga gtt ggt aaa ggc 201
 Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val Gly Lys Gly
 40 45 50

tcc tta gct gct gat aag gtt gtt gaa gaa ata aga agg aga ggt gga 249
 Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg Arg Gly Gly
 55 60 65

aaa gca gtg gcc aac tat gat tca gtg gaa gaa gga gag aag gtt gtg 297
 Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu Lys Val Val
 70 75 80

aag aca gcc ctg gat gct ttt gga aga ata gat gtt gtg gtc aac aat 345
 Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val Val Asn Asn
 85 90 95

gct gga att ctg agg gat cgt tcc ttt gct agg ata agt gat gaa gac 393
 Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser Asp Glu Asp
 100 105 110 115

tgg gat ata atc cac aga gtt cat ttg cgg ggt tca ttc caa gtg aca 441
 Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe Gln Val Thr
 120 125 130

cgg gca gca tgg gaa cac atg aag aaa cag aag tat gga agg att att 489
 Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly Arg Ile Ile
 135 140 145

atg act tca tca gct tca gga ata tat ggc aac ttt ggc cag gcc aat	537
Met Thr Ser Ser Ala Ser Gly Ile Tyr Gly Asn Phe Gly Gln Ala Asn	
150 155 160	
tat agt gct gca aag ttg ggt ctt ctg ggc ctt gca aat tct ctt gca	585
Tyr Ser Ala Ala Lys Leu Gly Leu Leu Gly Leu Ala Asn Ser Leu Ala	
165 170 175	
att gaa ggc agg aaa agc aac att cat tgt aac acc att gct cct aat	633
Ile Glu Gly Arg Lys Ser Asn Ile His Cys Asn Thr Ile Ala Pro Asn	
180 185 190 195	
gcg gga tca cgg atg act cag aca gtt atg cct gaa gat ctt gtg gaa	681
Ala Gly Ser Arg Met Thr Gln Thr Val Met Pro Glu Asp Leu Val Glu	
200 205 210	
gcc ctg aag cca gag tat gtg gca cct ctt gtc ctt tgg ctt tgt cac	729
Ala Leu Lys Pro Glu Tyr Val Ala Pro Leu Val Leu Trp Leu Cys His	
215 220 225	
gag agt tgt gag gag aat ggt ggc ttg ttt gag gtt gga gca gga tgg	777
Glu Ser Cys Glu Glu Asn Gly Gly Leu Phe Glu Val Gly Ala Gly Trp	
230 235 240	
att gga aaa tta cgc tgg gag cgg act ctt gga gct att gta aga caa	825
Ile Gly Lys Leu Arg Trp Glu Arg Thr Leu Gly Ala Ile Val Arg Gln	
245 250 255	
aag aat cac cca atg act cct gag gca gtc aag gct aac tgg aag aag	873
Lys Asn His Pro Met Thr Pro Glu Ala Val Lys Ala Asn Trp Lys Lys	
260 265 270 275	
atc tgt gac ttt gag aat gcc agc aag cct cag agt atc caa gaa tca	921
Ile Cys Asp Phe Glu Asn Ala Ser Lys Pro Gln Ser Ile Gln Glu Ser	
280 285 290	
act ggc agt ata att gaa gtt ctg agt aaa ata gat tca gaa gga gga	969
Thr Gly Ser Ile Ile Glu Val Leu Ser Lys Ile Asp Ser Glu Gly Gly	
295 300 305	
gtt tca gca aat cat act agt cgt gca acg tct aca gca aca tca gga	1017
Val Ser Ala Asn His Thr Ser Arg Ala Thr Ser Thr Ala Thr Ser Gly	
310 315 320	
ttt gct gga gct att ggc cag aaa ctc cct cca ttt tct tat gct tat	1065
Phe Ala Gly Ala Ile Gly Gln Lys Leu Pro Pro Phe Ser Tyr Ala Tyr	
325 330 335	
acg gaa ctg gaa gct att atg tat gcc ctt gga gtg gga gcg tca atc	1113
33/201	

Thr	Glu	Leu	Glu	Ala	Ile	Met	Tyr	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ser	Ile	
340					345					350					355	
aag	gat	cca	aaa	gat	ttg	aaa	ttt	att	tat	gaa	gga	agt	tct	gat	ttc	1161
Lys	Asp	Pro	Lys	Asp	Leu	Lys	Phe	Ile	Tyr	Glu	Gly	Ser	Ser	Asp	Phe	
				360					365						370	
tcc	tgt	ttg	ccc	acc	ttc	gga	gtt	atc	ata	ggc	cag	aaa	tct	atg	atg	1209
Ser	Cys	Leu	Pro	Thr	Phe	Gly	Val	Ile	Ile	Gly	Gln	Lys	Ser	Met	Met	
				375				380						385		
ggc	gga	gga	tta	gca	gaa	att	cct	gga	ctt	tca	atc	aac	ttt	gca	aag	1257
Gly	Gly	Gly	Leu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gly	Leu	Ser	Ile	Asn	Phe	Ala	Lys	
			390					395					400			
gtt	ctt	cat	gga	gag	cag	tac	tta	gag	tta	tat	aaa	cca	ctt	ccc	aga	1305
Val	Leu	His	Gly	Glu	Gln	Tyr	Leu	Glu	Leu	Tyr	Lys	Pro	Leu	Pro	Arg	
	405					410					415					
gca	gga	aaa	tta	aaa	tgt	gaa	gca	gtt	gtt	gct	gat	gtc	cta	gat	aaa	1353
Ala	Gly	Lys	Leu	Lys	Cys	Glu	Ala	Val	Val	Ala	Asp	Val	Leu	Asp	Lys	
420					425					430					435	
gga	tcc	ggc	gta	gtg	att	att	atg	gat	gtc	tat	tct	tat	tct	gag	aag	1401
Gly	Ser	Gly	Val	Val	Ile	Ile	Met	Asp	Val	Tyr	Ser	Tyr	Ser	Glu	Lys	
				440					445					450		
gaa	ctt	ata	tgc	cac	aat	cag	ttc	tct	ctc	ttt	ctt	gtt	ggc	tct	gga	1449
Glu	Leu	Ile	Cys	His	Asn	Gln	Phe	Ser	Leu	Phe	Leu	Val	Gly	Ser	Gly	
			455					460					465			
ggc	ttt	ggc	gga	aaa	cgg	aca	tca	gac	aaa	gtc	aag	gta	gct	gta	gcc	1497
Gly	Phe	Gly	Gly	Lys	Arg	Thr	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Val	Ala	Val	Ala	
			470				475					480				
ata	cct	aat	aga	cct	cct	gat	gct	gta	ctt	aca	gat	acc	acc	tct	ctt	1545
Ile	Pro	Asn	Arg	Pro	Pro	Asp	Ala	Val	Leu	Thr	Asp	Thr	Thr	Ser	Leu	
			485			490					495					
aat	cag	gct	gct	ttg	tac	cgc	ctc	agt	gga	gac	tgg	aat	ccc	tta	cac	1593
Asn	Gln	Ala	Ala	Leu	Tyr	Arg	Leu	Ser	Gly	Asp	Trp	Asn	Pro	Leu	His	
500					505					510					515	
att	gat	cct	aac	ttt	gct	agt	cta	gca	ggc	ttt	gac	aag	ccc	ata	tta	1641
Ile	Asp	Pro	Asn	Phe	Ala	Ser	Leu	Ala	Gly	Phe	Asp	Lys	Pro	Ile	Leu	
				520					525					530		
cat	gga	tta	tgt	aca	ttt	gga	ttt	tct	gcc	agg	cgt	gtg	tta	cag	cag	1689
His	Gly	Leu	Cys	Thr	Phe	Gly	Phe	Ser	Ala	Arg	Arg	Val	Leu	Gln	Gln	
			535					540					545			

ttt gca gat aat gat gtg tca aga ttc aag gca att aag gct cgt ttt 1737
 Phe Ala Asp Asn Asp Val Ser Arg Phe Lys Ala Ile Lys Ala Arg Phe
 550 555 560

gca aaa cca gta tat cca gga caa act cta caa act gag atg tgg aag 1785
 Ala Lys Pro Val Tyr Pro Gly Gln Thr Leu Gln Thr Glu Met Trp Lys
 565 570 575

gaa gga aac aga att cat ttt caa acc aag gtc caa gaa act gga gac 1833
 Glu Gly Asn Arg Ile His Phe Gln Thr Lys Val Gln Glu Thr Gly Asp
 580 585 590 595

att gtc att tca aat gca tat gtg gat ctt gca cca aca tct ggt act 1881
 Ile Val Ile Ser Asn Ala Tyr Val Asp Leu Ala Pro Thr Ser Gly Thr
 600 605 610

tca gct aag aca ccc tct gag ggc ggg aag ctt cag agt acc ttt gta 1929
 Ser Ala Lys Thr Pro Ser Glu Gly Gly Lys Leu Gln Ser Thr Phe Val
 615 620 625

ttt gag gaa ata gga cgc cgc cta aag gat att ggg cct gag gtg gtg 1977
 Phe Glu Glu Ile Gly Arg Arg Leu Lys Asp Ile Gly Pro Glu Val Val
 630 635 640

aag aaa gta aat gct gta ttt gag tgg cat ata acc aaa ggc gga aat 2025
 Lys Lys Val Asn Ala Val Phe Glu Trp His Ile Thr Lys Gly Gly Asn
 645 650 655

att ggg gct aag tgg act att gac ctg aaa agt ggt tct gga aaa gtg 2073
 Ile Gly Ala Lys Trp Thr Ile Asp Leu Lys Ser Gly Ser Gly Lys Val
 660 665 670 675

tac caa ggc cct gca aaa ggt gct gct gat aca aca atc ata ctt tca 2121
 Tyr Gln Gly Pro Ala Lys Gly Ala Ala Asp Thr Thr Ile Ile Leu Ser
 680 685 690

gat gaa gat ttc atg gag gtg gtc ctg ggc aag ctt gac cct cag aag 2169
 Asp Glu Asp Phe Met Glu Val Val Leu Gly Lys Leu Asp Pro Gln Lys
 695 700 705

gca ttc ttt agt ggc agg ctg aag gcc aga ggg aac atc atg ctg agc 2217
 Ala Phe Phe Ser Gly Arg Leu Lys Ala Arg Gly Asn Ile Met Leu Ser
 710 715 720

cag aaa ctt cag atg att ctt aaa gac tac gcc aag ctc tga 2259
 Gln Lys Leu Gln Met Ile Leu Lys Asp Tyr Ala Lys Leu
 725 730 735

agggcacact acactattaa taaaaatgga atcattaaat actctcttca cccaaatatg 2319
 35/201

cttgattatt ctgcaaaagt gattagaact aagatgcagg ggaaattgct taacattttc 2379
 agatatcaga taactgcaga ttttcatttt ctactaattt tcatgtatca ttatttttac 2439
 aaggaactat atataagcta gcacatgatt atccttctgt tcttagatct gtatcttcat 2499
 aataaaaaat tttgcccaag tctgtttcc ttagaatttg tgatagcatt gataagttga 2559
 aaggaaaatt aaatcaataa aggcctttga tacc 2593

<210> 14
 <211> 736
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 14

Met Gly Ser Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly
 1 5 10 15

Ala Gly Ala Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg
 20 25 30

Gly Ala Leu Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val
 35 40 45

Gly Lys Gly Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg
 50 55 60

Arg Gly Gly Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu
 65 70 75 80

Lys Val Val Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val
 85 90 95

Val Asn Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser
 100 105 110

Asp Glu Asp Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe
 115 120 125

Gln Val Thr Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly
130 135 140

Arg Ile Ile Met Thr Ser Ser Ala Ser Gly Ile Tyr Gly Asn Phe Gly
145 150 155 160

Gln Ala Asn Tyr Ser Ala Ala Lys Leu Gly Leu Leu Gly Leu Ala Asn
165 170 175

Ser Leu Ala Ile Glu Gly Arg Lys Ser Asn Ile His Cys Asn Thr Ile
180 185 190

Ala Pro Asn Ala Gly Ser Arg Met Thr Gln Thr Val Met Pro Glu Asp
195 200 205

Leu Val Glu Ala Leu Lys Pro Glu Tyr Val Ala Pro Leu Val Leu Trp
210 215 220

Leu Cys His Glu Ser Cys Glu Glu Asn Gly Gly Leu Phe Glu Val Gly
225 230 235 240

Ala Gly Trp Ile Gly Lys Leu Arg Trp Glu Arg Thr Leu Gly Ala Ile
245 250 255

Val Arg Gln Lys Asn His Pro Met Thr Pro Glu Ala Val Lys Ala Asn
260 265 270

Trp Lys Lys Ile Cys Asp Phe Glu Asn Ala Ser Lys Pro Gln Ser Ile
275 280 285

Gln Glu Ser Thr Gly Ser Ile Ile Glu Val Leu Ser Lys Ile Asp Ser
290 295 300

Glu Gly Gly Val Ser Ala Asn His Thr Ser Arg Ala Thr Ser Thr Ala
305 310 315 320

Thr Ser Gly Phe Ala Gly Ala Ile Gly Gln Lys Leu Pro Pro Phe Ser
37/201

	325		330		335
Tyr Ala Tyr Thr Glu Leu Glu Ala Ile Met Tyr Ala Leu Gly Val Gly	340	345	350		
Ala Ser Ile Lys Asp Pro Lys Asp Leu Lys Phe Ile Tyr Glu Gly Ser	355	360	365		
Ser Asp Phe Ser Cys Leu Pro Thr Phe Gly Val Ile Ile Gly Gln Lys	370	375	380		
Ser Met Met Gly Gly Gly Leu Ala Glu Ile Pro Gly Leu Ser Ile Asn	385	390	395	400	
Phe Ala Lys Val Leu His Gly Glu Gln Tyr Leu Glu Leu Tyr Lys Pro	405	410	415		
Leu Pro Arg Ala Gly Lys Leu Lys Cys Glu Ala Val Val Ala Asp Val	420	425	430		
Leu Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ile Ile Met Asp Val Tyr Ser Tyr	435	440	445		
Ser Glu Lys Glu Leu Ile Cys His Asn Gln Phe Ser Leu Phe Leu Val	450	455	460		
Gly Ser Gly Gly Phe Gly Gly Lys Arg Thr Ser Asp Lys Val Lys Val	465	470	475	480	
Ala Val Ala Ile Pro Asn Arg Pro Pro Asp Ala Val Leu Thr Asp Thr	485	490	495		
Thr Ser Leu Asn Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Trp Asn	500	505	510		
Pro Leu His Ile Asp Pro Asn Phe Ala Ser Leu Ala Gly Phe Asp Lys	515	520	525		

Pro Ile Leu His Gly Leu Cys Thr Phe Gly Phe Ser Ala Arg Arg Val
530 535 540

Leu Gln Gln Phe Ala Asp Asn Asp Val Ser Arg Phe Lys Ala Ile Lys
545 550 555 560

Ala Arg Phe Ala Lys Pro Val Tyr Pro Gly Gln Thr Leu Gln Thr Glu
565 570 575

Met Trp Lys Glu Gly Asn Arg Ile His Phe Gln Thr Lys Val Gln Glu
580 585 590

Thr Gly Asp Ile Val Ile Ser Asn Ala Tyr Val Asp Leu Ala Pro Thr
595 600 605

Ser Gly Thr Ser Ala Lys Thr Pro Ser Glu Gly Gly Lys Leu Gln Ser
610 615 620

Thr Phe Val Phe Glu Glu Ile Gly Arg Arg Leu Lys Asp Ile Gly Pro
625 630 635 640

Glu Val Val Lys Lys Val Asn Ala Val Phe Glu Trp His Ile Thr Lys
645 650 655

Gly Gly Asn Ile Gly Ala Lys Trp Thr Ile Asp Leu Lys Ser Gly Ser
660 665 670

Gly Lys Val Tyr Gln Gly Pro Ala Lys Gly Ala Ala Asp Thr Thr Ile
675 680 685

Ile Leu Ser Asp Glu Asp Phe Met Glu Val Val Leu Gly Lys Leu Asp
690 695 700

Pro Gln Lys Ala Phe Phe Ser Gly Arg Leu Lys Ala Arg Gly Asn Ile
705 710 715 720

Met Leu Ser Gln Lys Leu Gln Met Ile Leu Lys Asp Tyr Ala Lys Leu
39/201

725

730

735

<210> 15
 <211> 2113
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (63)..(1694)
 <223>

<400> 15

gtgcggttgg gaacgcggag cggacggatt cgattcaacg gggttcgga ccgcgctgcg 60

ct atg gag cag gtc aat gag ctg aag gag aaa ggc aac aag gcc ctg 107
 Met Glu Gln Val Asn Glu Leu Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Leu
 1 5 10 15

agc gtg ggt aac atc gat gat gcc tta cag tgc tac tcc gaa gct att 155
 Ser Val Gly Asn Ile Asp Asp Ala Leu Gln Cys Tyr Ser Glu Ala Ile
 20 25 30

aag ctg gat ccc cac aac cac gtg ctg tac agc aac cgt tct gct gcc 203
 Lys Leu Asp Pro His Asn His Val Leu Tyr Ser Asn Arg Ser Ala Ala
 35 40 45

tat gcc aag aaa gga gac tac cag aag gct tat gag gat ggc tgc aag 251
 Tyr Ala Lys Lys Gly Asp Tyr Gln Lys Ala Tyr Glu Asp Gly Cys Lys
 50 55 60

act gtc gac cta aag cct gac tgg ggc aag ggc tat tca cga aaa gca 299
 Thr Val Asp Leu Lys Pro Asp Trp Gly Lys Gly Tyr Ser Arg Lys Ala
 65 70 75

gca gct cta gag ttc tta aac cgc ttt gaa gaa gcc aag cga acc tat 347
 Ala Ala Leu Glu Phe Leu Asn Arg Phe Glu Glu Ala Lys Arg Thr Tyr
 80 85 90 95

gag gag ggc tta aaa cac gag gca aat aac cct caa ctg aaa gag ggt 395
 Glu Glu Gly Leu Lys His Glu Ala Asn Asn Pro Gln Leu Lys Glu Gly
 100 105 110

tta cag aat atg gag gcc agg ttg gca gag aga aaa ttc atg aac cct 443
 Leu Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro
 115 120 125

ttc aac atg cct aat ctg tat cag aag ttg gag agt gat ccc agg aca 491
 Phe Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr
 40/201

130	135	140	
agg aca cta ctc agt gat cct acc tac cgg gag ctg ata gag cag cta			539
Arg Thr Leu Leu Ser Asp Pro Thr Tyr Arg Glu Leu Ile Glu Gln Leu			
145	150	155	
cga aac aag cct tct gac ctg ggc acg aaa cta caa gat ccc cgg atc			587
Arg Asn Lys Pro Ser Asp Leu Gly Thr Lys Leu Gln Asp Pro Arg Ile			
160	165	170	175
atg acc act ctc agc gtc ctc ctt ggg gtc gat ctg ggc agt atg gat			635
Met Thr Thr Leu Ser Val Leu Leu Gly Val Asp Leu Gly Ser Met Asp			
180	185	190	
gag gag gaa gag att gca aca cct cca cca cca ccc cct ccc aaa aag			683
Glu Glu Glu Glu Ile Ala Thr Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Lys Lys			
195	200	205	
gag acc aag cca gag cca atg gaa gaa gat ctt cca gag aat aag aag			731
Glu Thr Lys Pro Glu Pro Met Glu Glu Asp Leu Pro Glu Asn Lys Lys			
210	215	220	
cag gca ctg aaa gaa aaa gag ctg ggg aac gat gcc tac aag aag aaa			779
Gln Ala Leu Lys Glu Lys Glu Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Lys Lys Lys			
225	230	235	
gac ttt gac aca gcc ttg aag cat tac gac aaa gcc aag gag ctg gac			827
Asp Phe Asp Thr Ala Leu Lys His Tyr Asp Lys Ala Lys Glu Leu Asp			
240	245	250	255
ccc act aac atg act tac att acc aat caa gca gcg gta tac ttt gaa			875
Pro Thr Asn Met Thr Tyr Ile Thr Asn Gln Ala Ala Val Tyr Phe Glu			
260	265	270	
aag ggc gac tac aat aag tgc cgg gag ctt tgt gag aag gcc att gaa			923
Lys Gly Asp Tyr Asn Lys Cys Arg Glu Leu Cys Glu Lys Ala Ile Glu			
275	280	285	
gtg ggg aga gaa aac cga gaa gac tat cga cag att gcc aaa gca tat			971
Val Gly Arg Glu Asn Arg Glu Asp Tyr Arg Gln Ile Ala Lys Ala Tyr			
290	295	300	
gct cga att ggc aac tcc tac ttc aaa gaa gaa aag tac aag gat gcc			1019
Ala Arg Ile Gly Asn Ser Tyr Phe Lys Glu Glu Lys Tyr Lys Asp Ala			
305	310	315	
atc cat ttc tat aac aag tct ctg gca gag cac cga acc cca gat gtg			1067
Ile His Phe Tyr Asn Lys Ser Leu Ala Glu His Arg Thr Pro Asp Val			
320	325	330	335

ctc aag aaa tgc cag cag gca gag aaa atc ctg aag gag caa gag cgg	1115
Leu Lys Lys Cys Gln Gln Ala Glu Lys Ile Leu Lys Glu Gln Glu Arg	
340 345 350	
ctg gcc tac ata aac ccc gac ctg gct ttg gag gag aag aac aaa ggc	1163
Leu Ala Tyr Ile Asn Pro Asp Leu Ala Leu Glu Glu Lys Asn Lys Gly	
355 360 365	
aac gag tgt ttt cag aaa ggg gac tat ccc cag gcc atg aag cat tat	1211
Asn Glu Cys Phe Gln Lys Gly Asp Tyr Pro Gln Ala Met Lys His Tyr	
370 375 380	
aca gaa gcc atc aaa agg aac ccg aaa gat gcc aaa tta tac agc aat	1259
Thr Glu Ala Ile Lys Arg Asn Pro Lys Asp Ala Lys Leu Tyr Ser Asn	
385 390 395	
cga gct gcc tgc tac acc aaa ctc ctg gag ttc cag ctg gca ctc aag	1307
Arg Ala Ala Cys Tyr Thr Lys Leu Leu Glu Phe Gln Leu Ala Leu Lys	
400 405 410 415	
gac tgt gag gaa tgt atc cag ctg gag ccg acc ttc atc aag ggt tat	1355
Asp Cys Glu Glu Cys Ile Gln Leu Glu Pro Thr Phe Ile Lys Gly Tyr	
420 425 430	
aca cgg aaa gcc gct gcg ctg gaa gcg atg aag gac tac acc aaa gcc	1403
Thr Arg Lys Ala Ala Ala Leu Glu Ala Met Lys Asp Tyr Thr Lys Ala	
435 440 445	
atg gat gtg tac cag aag gcg cta gac ctg gac tcc agc tgt aag gag	1451
Met Asp Val Tyr Gln Lys Ala Leu Asp Leu Asp Ser Ser Cys Lys Glu	
450 455 460	
gcg gca gac ggc tac cag cgc tgt atg atg gcg cag tac aac cgg cac	1499
Ala Ala Asp Gly Tyr Gln Arg Cys Met Met Ala Gln Tyr Asn Arg His	
465 470 475	
gac agc ccc gaa gat gtg aag cga cga gcc atg gcc gac cct gag gtg	1547
Asp Ser Pro Glu Asp Val Lys Arg Arg Ala Met Ala Asp Pro Glu Val	
480 485 490 495	
cag cag atc atg agt gac cca gcc atg cgc ctt atc ctg gaa cag atg	1595
Gln Gln Ile Met Ser Asp Pro Ala Met Arg Leu Ile Leu Glu Gln Met	
500 505 510	
cag aag gac ccc cag gca ctc agc gaa cac tta aag aat cct gta ata	1643
Gln Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile	
515 520 525	
gca cag aag atc cag aag ctg atg gat gtg ggt ctg att gca att cgg	1691
Ala Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg	
42/201	

530

535

540

tga tgacttggtc atccccctt ccttcgccc tcatgtggaa agaggagctg 1744
 ggaccgcggc gagcagcacg gagcggaagg gagagcaggg gagagaaggc ctcattcttc 1804
 tatatttata cataaccccg gggaagacac agagactcgt acctgcgctg tttgtgccgc 1864
 cgctgcctct gggccctccc agcacacgca tgggtctcttc accgctgccc tcgagttcca 1924
 tgtctctttc cctgcccct agttgctgtc tcggctgtct tcccatagtt ggtttttttt 1984
 ttatttgggg cagtgggcat gttatgggga ggggaggggg ttcttcacgc ctcagggtccc 2044
 agctgtctca cgttgtttat tctgcgtccc ctctccaat aaaacaagcc agttgggcgt 2104
 ggttataac 2113

<210> 16
 <211> 543
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 16

Met Glu Gln Val Asn Glu Leu Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Leu Ser
 1 5 10 15

Val Gly Asn Ile Asp Asp Ala Leu Gln Cys Tyr Ser Glu Ala Ile Lys
 20 25 30

Leu Asp Pro His Asn His Val Leu Tyr Ser Asn Arg Ser Ala Ala Tyr
 35 40 45

Ala Lys Lys Gly Asp Tyr Gln Lys Ala Tyr Glu Asp Gly Cys Lys Thr
 50 55 60

Val Asp Leu Lys Pro Asp Trp Gly Lys Gly Tyr Ser Arg Lys Ala Ala
 65 70 75 80

Ala Leu Glu Phe Leu Asn Arg Phe Glu Glu Ala Lys Arg Thr Tyr Glu
 85 90 95

Glu Gly Leu Lys His Glu Ala Asn Asn Pro Gln Leu Lys Glu Gly Leu
 100 105 110

Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro Phe
 115 120 125

Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr Arg
 130 135 140

Thr Leu Leu Ser Asp Pro Thr Tyr Arg Glu Leu Ile Glu Gln Leu Arg
 145 150 155 160

Asn Lys Pro Ser Asp Leu Gly Thr Lys Leu Gln Asp Pro Arg Ile Met
 165 170 175

Thr Thr Leu Ser Val Leu Leu Gly Val Asp Leu Gly Ser Met Asp Glu
 180 185 190

Glu Glu Glu Ile Ala Thr Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Lys Lys Glu
 195 200 205

Thr Lys Pro Glu Pro Met Glu Glu Asp Leu Pro Glu Asn Lys Lys Gln
 210 215 220

Ala Leu Lys Glu Lys Glu Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Lys Lys Lys Asp
 225 230 235 240

Phe Asp Thr Ala Leu Lys His Tyr Asp Lys Ala Lys Glu Leu Asp Pro
 245 250 255

Thr Asn Met Thr Tyr Ile Thr Asn Gln Ala Ala Val Tyr Phe Glu Lys
 260 265 270

Gly Asp Tyr Asn Lys Cys Arg Glu Leu Cys Glu Lys Ala Ile Glu Val
 275 280 285

Gly Arg Glu Asn Arg Glu Asp Tyr Arg Gln Ile Ala Lys Ala Tyr Ala
 290 295 300

Arg Ile Gly Asn Ser Tyr Phe Lys Glu Glu Lys Tyr Lys Asp Ala Ile
305 310 315 320

His Phe Tyr Asn Lys Ser Leu Ala Glu His Arg Thr Pro Asp Val Leu
325 330 335

Lys Lys Cys Gln Gln Ala Glu Lys Ile Leu Lys Glu Gln Glu Arg Leu
340 345 350

Ala Tyr Ile Asn Pro Asp Leu Ala Leu Glu Glu Lys Asn Lys Gly Asn
355 360 365

Glu Cys Phe Gln Lys Gly Asp Tyr Pro Gln Ala Met Lys His Tyr Thr
370 375 380

Glu Ala Ile Lys Arg Asn Pro Lys Asp Ala Lys Leu Tyr Ser Asn Arg
385 390 395 400

Ala Ala Cys Tyr Thr Lys Leu Leu Glu Phe Gln Leu Ala Leu Lys Asp
405 410 415

Cys Glu Glu Cys Ile Gln Leu Glu Pro Thr Phe Ile Lys Gly Tyr Thr
420 425 430

Arg Lys Ala Ala Ala Leu Glu Ala Met Lys Asp Tyr Thr Lys Ala Met
435 440 445

Asp Val Tyr Gln Lys Ala Leu Asp Leu Asp Ser Ser Cys Lys Glu Ala
450 455 460

Ala Asp Gly Tyr Gln Arg Cys Met Met Ala Gln Tyr Asn Arg His Asp
465 470 475 480

Ser Pro Glu Asp Val Lys Arg Arg Ala Met Ala Asp Pro Glu Val Gln
485 490 495

Gln Ile Met Ser Asp Pro Ala Met Arg Leu Ile Leu Glu Gln Met Gln
 500 505 510

Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile Ala
 515 520 525

Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg
 530 535 540

<210> 17
 <211> 2033
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (29)..(1705)
 <223>

<400> 17
 ggacgagcag cggaggcggg atg gtg aag atg gcg gcg gcg ggc 52
 Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly
 1 5

ggc gga ggc ggc ggt ggc cgc tac tac ggc ggc ggc agt gag ggc ggc 100
 Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr Tyr Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly
 10 15 20

cgg gcc cct aag cgg ctc aag act gac aac gcc ggc gac cag cac gga 148
 Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly
 25 30 35 40

ggc ggc ggc ggt ggc ggt gga gga gcc ggg gcg gcg ggc ggc ggc ggc 196
 Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly
 45 50 55

ggt ggg gag aac tac gat gac cgg cac aaa acc cct gcc tcc cca gtt 244
 Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val
 60 65 70

gtc cac atc agg ggc ctg att gac ggt gtg gtg gaa gca gac ctt gtg 292
 Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp Gly Val Val Glu Ala Asp Leu Val
 75 80 85

gag gcc ttg cag gag ttt gga ccc atc agc tat gtg gtg gta atg cct 340
 Glu Ala Leu Gln Glu Phe Gly Pro Ile Ser Tyr Val Val Val Met Pro
 90 95 100

aaa aag aga caa gca ctg gtg gag ttt gaa gat gtg ttg ggg gct tgc	388
Lys Lys Arg Gln Ala Leu Val Glu Phe Glu Asp Val Leu Gly Ala Cys	
105 110 115 120	
aac gca gtg aac tac gca gcc gac aac caa ata tac att gct ggt cac	436
Asn Ala Val Asn Tyr Ala Ala Asp Asn Gln Ile Tyr Ile Ala Gly His	
125 130 135	
cca gct ttt gtc aac tac tct acc agc cag aag atc tcc cgc cct ggg	484
Pro Ala Phe Val Asn Tyr Ser Thr Ser Gln Lys Ile Ser Arg Pro Gly	
140 145 150	
gac tcg gat gac tcc cgg agc gtg aac agt gtg ctt ctc ttt acc atc	532
Asp Ser Asp Asp Ser Arg Ser Val Asn Ser Val Leu Leu Phe Thr Ile	
155 160 165	
ctg aac ccc att tat tcg atc acc acg gat gtt ctt tac act atc tgt	580
Leu Asn Pro Ile Tyr Ser Ile Thr Thr Asp Val Leu Tyr Thr Ile Cys	
170 175 180	
aat cct tgt ggc cct gtc cag aga att gtc att ttc agg aag aat gga	628
Asn Pro Cys Gly Pro Val Gln Arg Ile Val Ile Phe Arg Lys Asn Gly	
185 190 195 200	
gtt cag gcg atg gtg gaa ttt gac tca gtt caa agt gcc cag cgg gcc	676
Val Gln Ala Met Val Glu Phe Asp Ser Val Gln Ser Ala Gln Arg Ala	
205 210 215	
aag gcc tct ctc aat ggg gct gat atc tat tct ggc tgt tgc act ctg	724
Lys Ala Ser Leu Asn Gly Ala Asp Ile Tyr Ser Gly Cys Cys Thr Leu	
220 225 230	
aag atc gaa tac gca aag cct aca cgc ttg aat gtg ttc aag aat gat	772
Lys Ile Glu Tyr Ala Lys Pro Thr Arg Leu Asn Val Phe Lys Asn Asp	
235 240 245	
cag gat act tgg gac tac aca aac ccc aat ctc agt gga caa ggt gac	820
Gln Asp Thr Trp Asp Tyr Thr Asn Pro Asn Leu Ser Gly Gln Gly Asp	
250 255 260	
cct ggc agc aac ccc aac aaa cgc cag agg cag ccc cct ctc ctg gga	868
Pro Gly Ser Asn Pro Asn Lys Arg Gln Arg Gln Pro Pro Leu Leu Gly	
265 270 275 280	
gat cac ccc gca gaa tat gga ggg ccc cac ggt ggg tac cac agc cat	916
Asp His Pro Ala Glu Tyr Gly Gly Pro His Gly Gly Tyr His Ser His	
285 290 295	
tac cat gat gag ggc tac ggg ccc ccc cca cct cac tac gaa ggg aga	964

Tyr	His	Asp	Glu	Gly	Tyr	Gly	Pro	Pro	Pro	Pro	His	Tyr	Glu	Gly	Arg		
			300					305					310				
agg	atg	ggt	cca	cca	gtg	ggg	ggt	cac	cgt	cgg	ggc	cca	agt	cgc	tac	1012	
Arg	Met	Gly	Pro	Pro	Val	Gly	Gly	His	Arg	Arg	Gly	Pro	Ser	Arg	Tyr		
		315					320					325					
ggc	ccc	cag	tat	ggg	cac	ccc	cca	ccc	cct	ccc	cca	cca	ccc	gag	tat	1060	
Gly	Pro	Gln	Tyr	Gly	His	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Glu	Tyr		
	330					335					340						
ggc	cct	cac	gcc	gac	agc	cct	gtg	ctc	atg	gtc	tat	ggc	ttg	gat	caa	1108	
Gly	Pro	His	Ala	Asp	Ser	Pro	Val	Leu	Met	Val	Tyr	Gly	Leu	Asp	Gln		
345					350				355						360		
tct	aag	atg	aac	ggt	gac	cga	gtc	ttc	aat	gtc	ttc	tgc	tta	tat	ggc	1156	
Ser	Lys	Met	Asn	Gly	Asp	Arg	Val	Phe	Asn	Val	Phe	Cys	Leu	Tyr	Gly		
			365					370						375			
aat	gtg	gag	aag	gtg	aaa	ttc	atg	aaa	agc	aag	ccg	ggg	gcc	gcc	atg	1204	
Asn	Val	Glu	Lys	Val	Lys	Phe	Met	Lys	Ser	Lys	Pro	Gly	Ala	Ala	Met		
			380					385					390				
gtg	gag	atg	gct	gat	ggc	tac	gct	gta	gac	cgg	gcc	att	acc	cac	ctc	1252	
Val	Glu	Met	Ala	Asp	Gly	Tyr	Ala	Val	Asp	Arg	Ala	Ile	Thr	His	Leu		
		395					400					405					
aac	aac	aac	ttc	atg	ttt	ggg	cag	aag	ctg	aat	gtc	tgt	gtc	tcc	aag	1300	
Asn	Asn	Asn	Phe	Met	Phe	Gly	Gln	Lys	Leu	Asn	Val	Cys	Val	Ser	Lys		
	410					415					420						
cag	cca	gcc	atc	atg	cct	ggt	cag	tca	tac	ggg	ttg	gaa	gac	ggg	tct	1348	
Gln	Pro	Ala	Ile	Met	Pro	Gly	Gln	Ser	Tyr	Gly	Leu	Glu	Asp	Gly	Ser		
425					430					435					440		
tgc	agt	tac	aaa	gac	ttc	agt	gaa	tcc	cgg	aac	aat	cgg	ttc	tcc	acc	1396	
Cys	Ser	Tyr	Lys	Asp	Phe	Ser	Glu	Ser	Arg	Asn	Asn	Arg	Phe	Ser	Thr		
			445					450					455				
cca	gag	cag	gca	gcc	aag	aac	cgc	atc	cag	cac	ccc	agc	aac	gtg	ctg	1444	
Pro	Glu	Gln	Ala	Ala	Lys	Asn	Arg	Ile	Gln	His	Pro	Ser	Asn	Val	Leu		
			460					465					470				
cac	ttc	ttc	aac	gcc	cgg	ctg	gag	gtg	acc	gag	gag	aac	ttc	ttt	gag	1492	
His	Phe	Phe	Asn	Ala	Pro	Leu	Glu	Val	Thr	Glu	Glu	Asn	Phe	Phe	Glu		
		475					480					485					
atc	tgc	gat	gag	ctg	gga	gtg	aag	cgg	cca	tct	tct	gtg	aaa	gta	ttc	1540	
Ile	Cys	Asp	Glu	Leu	Gly	Val	Lys	Arg	Pro	Ser	Ser	Val	Lys	Val	Phe		
	490					495					500						

tca ggc aaa agt gag cgc agc tcc tct gga ctg ctg gag tgg gaa tcc 1588
 Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser
 505 510 515 520

aag agc gat gcc ctg gag act ctg ggc ttc ctg aac cat tac cag atg 1636
 Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met
 525 530 535

aaa aac cca aat ggt cca tac cct tac act ctg aag ttg tgt ttc tcc 1684
 Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser
 540 545 550

act gct cag cac gcc tcc taa ttaggtgcct aggaagagtc ccatctgagc 1735
 Thr Ala Gln His Ala Ser
 555

aggaagacat ttctctttcc tttatgccat tttttgtttt tggtatttgc aaaagatctt 1795

gtatttccttt tttttttttt ttttttttaa atgctagggt ttagaggct tacttaacct 1855

taatggaaac gctggaaatc tgcaggggga gggagagggg aactgttatc tccaagatt 1915

aaccttcact tttaaaaaat tattgtacat gtgatttttt tttttcctgt tcatacattt 1975

gtgctgceca tgtactcttg gcacatttca ataaaattgt ttggaaaata aacacagc 2033

<210> 18

<211> 558

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 18

Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr
 1 5 10 15

Tyr Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr
 20 25 30

Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
 35 40 45

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro
 50 55 60

His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp
65 70 75 80

Gly Val Val Glu Ala Asp Leu Val Glu Ala Leu Gln Glu Phe Gly Pro
85 90 95

Ile Ser Tyr Val Val Val Met Pro Lys Lys Arg Gln Ala Leu Val Glu
100 105 110

Phe Glu Asp Val Leu Gly Ala Cys Asn Ala Val Asn Tyr Ala Ala Asp
115 120 125

Asn Gln Ile Tyr Ile Ala Gly His Pro Ala Phe Val Asn Tyr Ser Thr
130 135 140

Ser Gln Lys Ile Ser Arg Pro Gly Asp Ser Asp Asp Ser Arg Ser Val
145 150 155 160

Asn Ser Val Leu Leu Phe Thr Ile Leu Asn Pro Ile Tyr Ser Ile Thr
165 170 175

Thr Asp Val Leu Tyr Thr Ile Cys Asn Pro Cys Gly Pro Val Gln Arg
180 185 190

Ile Val Ile Phe Arg Lys Asn Gly Val Gln Ala Met Val Glu Phe Asp
195 200 205

Ser Val Gln Ser Ala Gln Arg Ala Lys Ala Ser Leu Asn Gly Ala Asp
210 215 220

Ile Tyr Ser Gly Cys Cys Thr Leu Lys Ile Glu Tyr Ala Lys Pro Thr
225 230 235 240

Arg Leu Asn Val Phe Lys Asn Asp Gln Asp Thr Trp Asp Tyr Thr Asn
245 250 255

Pro Asn Leu Ser Gly Gln Gly Asp Pro Gly Ser Asn Pro Asn Lys Arg
50/201

260 265 270
 Gln Arg Gln Pro Pro Leu Leu Gly Asp His Pro Ala Glu Tyr Gly Gly
 275 280 285
 Pro His Gly Gly Tyr His Ser His Tyr His Asp Glu Gly Tyr Gly Pro
 290 295 300
 Pro Pro Pro His Tyr Glu Gly Arg Arg Met Gly Pro Pro Val Gly Gly
 305 310 315 320
 His Arg Arg Gly Pro Ser Arg Tyr Gly Pro Gln Tyr Gly His Pro Pro
 325 330 335
 Pro Pro Pro Pro Pro Pro Glu Tyr Gly Pro His Ala Asp Ser Pro Val
 340 345 350
 Leu Met Val Tyr Gly Leu Asp Gln Ser Lys Met Asn Gly Asp Arg Val
 355 360 365
 Phe Asn Val Phe Cys Leu Tyr Gly Asn Val Glu Lys Val Lys Phe Met
 370 375 380
 Lys Ser Lys Pro Gly Ala Ala Met Val Glu Met Ala Asp Gly Tyr Ala
 385 390 395 400
 Val Asp Arg Ala Ile Thr His Leu Asn Asn Asn Phe Met Phe Gly Gln
 405 410 415
 Lys Leu Asn Val Cys Val Ser Lys Gln Pro Ala Ile Met Pro Gly Gln
 420 425 430
 Ser Tyr Gly Leu Glu Asp Gly Ser Cys Ser Tyr Lys Asp Phe Ser Glu
 435 440 445
 Ser Arg Asn Asn Arg Phe Ser Thr Pro Glu Gln Ala Ala Lys Asn Arg
 450 455 460

Ile Gln His Pro Ser Asn Val Leu His Phe Phe Asn Ala Pro Leu Glu
 465 470 475 480

Val Thr Glu Glu Asn Phe Phe Glu Ile Cys Asp Glu Leu Gly Val Lys
 485 490 495

Arg Pro Ser Ser Val Lys Val Phe Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser
 500 505 510

Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu
 515 520 525

Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro
 530 535 540

Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser Thr Ala Gln His Ala Ser
 545 550 555

<210> 19
 <211> 3465
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (219).. (2639)
 <223>

<400> 19
 ctgcgccag gcgagtctcc gcgtctcct cgcgaaactcg gtgaaaggaa ttggcgccgt 60
 tcgacaccag gcggatccgc tctgcagcac gaacccatct ccagccgcag ccgcagccgc 120
 cgccccgggcc gaggagcagc cgcagcagcc gccaccagtg gccgagttag cggagccgag 180
 tttgaggcag cgcctagcgg tgaatcgggg ccctcacc atg agt tcc tcg cct gtt 236
 Met Ser Ser Ser Pro Val
 1 5
 aat gta aaa aag ctg aag gtg tcg gag ctg aaa gag gag ctc aag aag 284
 Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu Lys Glu Glu Leu Lys Lys
 10 15 20

cga cgc ctt tct gac aag ggt ctc aag gcc gag ctc atg gag cga ctc 332
 Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala Glu Leu Met Glu Arg Leu
 25 30 35

cag gct geg ctg gac gac gag gag gcc ggg ggc cgc ccc gcc atg gag 380
 Gln Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu Ala Gly Gly Arg Pro Ala Met Glu
 40 45 50

ccc ggg aac ggc agc cta gac ctg ggc ggg gat tcc gct ggg cgc tcg 428
 Pro Gly Asn Gly Ser Leu Asp Leu Gly Gly Asp Ser Ala Gly Arg Ser
 55 60 65 70

gga gca ggc ctc gag cag gag gcc gcg gcc ggc ggc gat gaa gag gag 476
 Gly Ala Gly Leu Glu Gln Glu Ala Ala Ala Gly Gly Asp Glu Glu Glu
 75 80 85

gag gaa gag gaa gag gag gag gaa gga atc tcc gct ctg gac ggc gac 524
 Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Gly Ile Ser Ala Leu Asp Gly Asp
 90 95 100

cag atg gag cta gga gag gag aac ggg gcc gcg ggg gcg gcc gac tcg 572
 Gln Met Glu Leu Gly Glu Glu Asn Gly Ala Ala Gly Ala Ala Asp Ser
 105 110 115

ggc ccg atg gag gag gag gag gcc gcc tcg gaa gac gag aac ggc gac 620
 Gly Pro Met Glu Glu Glu Glu Ala Ala Ser Glu Asp Glu Asn Gly Asp
 120 125 130

gat cag ggt ttc cag gaa ggg gaa gat gag ctc ggg gac gaa gag gaa 668
 Asp Gln Gly Phe Gln Glu Gly Glu Asp Glu Leu Gly Asp Glu Glu Glu
 135 140 145 150

ggc gcg ggc gac gag aac ggg cac ggg gag cag cag cct caa ccg ccg 716
 Gly Ala Gly Asp Glu Asn Gly His Gly Glu Gln Gln Pro Gln Pro Pro
 155 160 165

gcg acg cag cag caa cag ccc caa cag cag gcg ggg gcc gcc aag gag 764
 Ala Thr Gln Gln Gln Gln Pro Gln Gln Gln Arg Gly Ala Ala Lys Glu
 170 175 180

gcc gcg ggg aag agc agc ggc ccc acc tcg ctg ttc gcg gtg acg gtg 812
 Ala Ala Gly Lys Ser Ser Gly Pro Thr Ser Leu Phe Ala Val Thr Val
 185 190 195

gcg ccg ccc ggg gcg agg cag ggc cag cag cag gcg gga ggg gac ggc 860
 Ala Pro Pro Gly Ala Arg Gln Gly Gln Gln Gln Ala Gly Gly Asp Gly
 200 205 210

aaa aca gaa cag aaa ggc gga gat aaa aag agg ggt gtt aaa aga cca 908
 Lys Thr Glu Gln Lys Gly Gly Asp Lys Lys Arg Gly Val Lys Arg Pro

215	220	225	230	
cga gaa gat cat ggc cgt gga tat ttt gag tac att gaa gag aac aag				956
Arg Glu Asp His Gly Arg Gly Tyr Phe Glu Tyr Ile Glu Glu Asn Lys				
	235	240	245	
tat agc aga gcc aaa tct cct cag cca cct gtt gaa gaa gaa gat gaa				1004
Tyr Ser Arg Ala Lys Ser Pro Gln Pro Pro Val Glu Glu Glu Asp Glu				
	250	255	260	
cac ttc gat gac aca gtg gtt tgt ctt gat act tat aat tgt gat cta				1052
His Phe Asp Asp Thr Val Val Cys Leu Asp Thr Tyr Asn Cys Asp Leu				
	265	270	275	
cat ttt aaa ata tca aga gat cgt ctc agt gct tct tcc ctt aca atg				1100
His Phe Lys Ile Ser Arg Asp Arg Leu Ser Ala Ser Ser Leu Thr Met				
	280	285	290	
gag agt ttt gct ttt ctt tgg gct gga gga aga gca tcc tat ggt gtg				1148
Glu Ser Phe Ala Phe Leu Trp Ala Gly Gly Arg Ala Ser Tyr Gly Val				
	295	300	305	310
tca aaa ggc aaa gtg tgt ttt gag atg aag gtt aca gag aag atc cca				1196
Ser Lys Gly Lys Val Cys Phe Glu Met Lys Val Thr Glu Lys Ile Pro				
	315	320	325	
gta agg cat tta tat aca aaa gat att gac ata cat gaa gtt cgt att				1244
Val Arg His Leu Tyr Thr Lys Asp Ile Asp Ile His Glu Val Arg Ile				
	330	335	340	
ggc tgg tca cta act aca agt gga atg tta ctt ggt gaa gaa gaa ttt				1292
Gly Trp Ser Leu Thr Thr Ser Gly Met Leu Leu Gly Glu Glu Glu Phe				
	345	350	355	
tct tat ggg tat tct cta aaa gga ata aaa aca tgc aac tgt gag act				1340
Ser Tyr Gly Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Lys Thr Cys Asn Cys Glu Thr				
	360	365	370	
gaa gat tat gga gaa aag ttt gat gaa aat gat gtg att aca tgt ttt				1388
Glu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp Glu Asn Asp Val Ile Thr Cys Phe				
	375	380	385	390
gct aac ttt gaa agt gat gaa gta gaa ctc tcg tat gct aag aat gga				1436
Ala Asn Phe Glu Ser Asp Glu Val Glu Leu Ser Tyr Ala Lys Asn Gly				
	395	400	405	
caa gat ctt ggc gtt gcc ttc aaa atc agt aag gaa gtt ctt gct gga				1484
Gln Asp Leu Gly Val Ala Phe Lys Ile Ser Lys Glu Val Leu Ala Gly				
	410	415	420	

cgg cca ctg ttc ccg cat gtt ctc tgc cac aac tgt gca gtt gaa ttt	1532
Arg Pro Leu Phe Pro His Val Leu Cys His Asn Cys Ala Val Glu Phe	
425 430 435	
aat ttt ggt cag aag gaa aag cca tat ttt cca ata cct gaa gag tat	1580
Asn Phe Gly Gln Lys Glu Lys Pro Tyr Phe Pro Ile Pro Glu Glu Tyr	
440 445 450	
act ttc atc cag aac gtc ccc tta gag gat cga gtt aga gga cca aag	1628
Thr Phe Ile Gln Asn Val Pro Leu Glu Asp Arg Val Arg Gly Pro Lys	
455 460 465 470	
ggg cct gaa gag aag aaa gat tgt gaa gtt gtg atg atg att ggc ttg	1676
Gly Pro Glu Glu Lys Lys Asp Cys Glu Val Val Met Met Ile Gly Leu	
475 480 485	
cca gga gct gga aaa act acc tgg gtt act aaa cat gca gca gaa aat	1724
Pro Gly Ala Gly Lys Thr Thr Trp Val Thr Lys His Ala Ala Glu Asn	
490 495 500	
cca ggg aaa tat aac att ctt ggc aca aat act att atg gat aag atg	1772
Pro Gly Lys Tyr Asn Ile Leu Gly Thr Asn Thr Ile Met Asp Lys Met	
505 510 515	
atg gtg gca ggt ttt aag aag caa atg gca gat act gga aaa ctg aac	1820
Met Val Ala Gly Phe Lys Lys Gln Met Ala Asp Thr Gly Lys Leu Asn	
520 525 530	
aca ctg ttg cag aga gcc ccc cag tgt ctt ggg aaa ttt att gag att	1868
Thr Leu Leu Gln Arg Ala Pro Gln Cys Leu Gly Lys Phe Ile Glu Ile	
535 540 545 550	
gct gcc cga aag aag cga aat ttt att ctg gat cag aca aat gtg tct	1916
Ala Ala Arg Lys Lys Arg Asn Phe Ile Leu Asp Gln Thr Asn Val Ser	
555 560 565	
gct gct gcc cag agg aga aaa atg tgc ctg ttt gca ggc ttc cag cga	1964
Ala Ala Ala Gln Arg Arg Lys Met Cys Leu Phe Ala Gly Phe Gln Arg	
570 575 580	
aaa gct gtt gta gtt tgc cca aaa gat gaa gac tat aag caa aga aca	2012
Lys Ala Val Val Val Cys Pro Lys Asp Glu Asp Tyr Lys Gln Arg Thr	
585 590 595	
cag aag aaa gca gaa gta gag ggg aaa gac cta cca gaa cat gcg gtc	2060
Gln Lys Lys Ala Glu Val Glu Gly Lys Asp Leu Pro Glu His Ala Val	
600 605 610	
ctc aaa atg aaa gga aac ttt acc ctc cca gag gta gct gag tgc ttt	2108
Leu Lys Met Lys Gly Asn Phe Thr Leu Pro Glu Val Ala Glu Cys Phe	
55/201	

615	620	625	630	
gat gaa ata acc tat gtt gaa ctt cag aag gaa gaa gcc caa aaa ctc				2156
Asp Glu Ile Thr Tyr Val Glu Leu Gln Lys Glu Glu Ala Gln Lys Leu				
635		640	645	
ttg gag caa tat aag gaa gaa agc aaa aag gct ctt cca cca gaa aag				2204
Leu Glu Gln Tyr Lys Glu Glu Ser Lys Lys Ala Leu Pro Pro Glu Lys				
650		655	660	
aaa cag aac act ggc tca aag aaa agc aat aaa aat aag agt ggc aag				2252
Lys Gln Asn Thr Gly Ser Lys Lys Ser Asn Lys Asn Lys Ser Gly Lys				
665		670	675	
aac cag ttt aac aga ggt ggt ggc cat aga gga cgt gga gga ttc aat				2300
Asn Gln Phe Asn Arg Gly Gly Gly His Arg Gly Arg Gly Gly Phe Asn				
680		685	690	
atg cgt ggt gga aat ttc aga gga gga gcc cct ggg aat cgt ggc gga				2348
Met Arg Gly Gly Asn Phe Arg Gly Gly Ala Pro Gly Asn Arg Gly Gly				
695	700	705	710	
tat aat agg agg ggc aac atg cca cag aga ggt ggt ggc ggt gga gga				2396
Tyr Asn Arg Arg Gly Asn Met Pro Gln Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly				
715		720	725	
agt ggt gga atc ggc tat cca tac cct cgt gcc cct gtt ttt cct ggc				2444
Ser Gly Gly Ile Gly Tyr Pro Tyr Pro Arg Ala Pro Val Phe Pro Gly				
730		735	740	
cgt ggt agt tac tca aac aga ggg aac tac aac aga ggt gga atg ccc				2492
Arg Gly Ser Tyr Ser Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Arg Gly Gly Met Pro				
745		750	755	
aac aga ggg aac tac aac cag aac ttc aga gga cga gga aac aat cgt				2540
Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Phe Arg Gly Arg Gly Asn Asn Arg				
760		765	770	
ggc tac aaa aat caa tct cag ggc tac aac cag tgg cag cag ggt caa				2588
Gly Tyr Lys Asn Gln Ser Gln Gly Tyr Asn Gln Trp Gln Gln Gly Gln				
775	780	785	790	
ttc tgg ggt cag aag cca tgg agt cag cat tat cac caa gga tat tat				2636
Phe Trp Gly Gln Lys Pro Trp Ser Gln His Tyr His Gln Gly Tyr Tyr				
795		800	805	
tga atacccaaat aaaacgaact gatacatatt tctccaaaac cttcacaaga				2689
agtcgactgt tttcttttagt aggctaactt tttaaacatt ccacaagagg aagtgcctgc				2749

gggttccttt tttagaagct ttgtgggttg attttttttc tttcttttt tgtacatttt 2809
 taattgcagt ttaaaagtga atcgtaagag aacctcagca ttgtgcacga taagagaatg 2869
 tgtcagtatt tcagggttct acattttatc tgtaaaatgt gacttttttt tttttttatc 2929
 acaacagaag taaaatgttg ctttgtacct ggtgtctttt attaagaatt tactcccccc 2989
 atttctcaca gagaataaca gtcgggagtc attgtcacao tataatagaa atgtagcaa 3049
 ccagattcat gtaaggacta agtggtctct atgaattgca ttaagactct gtactgctca 3109
 tattacactc catcctctct gtagtttgct gggtagtgga gggggtgaagc taaatcatag 3169
 tttctgacaa taactgggaa ggttttttct taaaataaca atggaattgg tataattggg 3229
 attgaaaact aaaacttgga actaagatag agaagatgga gtgtatgtag aagggtgttt 3289
 aaaaatgtaa aacttggttg cattatttct ggaggtcaa acttgtgaag gttaatacca 3349
 taatttttcc atttgttctg cattttgatt ctgaaaagaa agctggcttt gccattttct 3409
 tattaaaaaa acttgttgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3465

<210> 20

<211> 806

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 20

Met Ser Ser Ser Pro Val Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu
1 5 10 15

Lys Glu Glu Leu Lys Lys Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala
20 25 30

Glu Leu Met Glu Arg Leu Gln Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu Ala Gly
35 40 45

Gly Arg Pro Ala Met Glu Pro Gly Asn Gly Ser Leu Asp Leu Gly Gly
50 55 60

Asp Ser Ala Gly Arg Ser Gly Ala Gly Leu Glu Gln Glu Ala Ala Ala
65 70 75 80

Gly Gly Asp Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Gly Ile
 85 90 95

Ser Ala Leu Asp Gly Asp Gln Met Glu Leu Gly Glu Glu Asn Gly Ala
 100 105 110

Ala Gly Ala Ala Asp Ser Gly Pro Met Glu Glu Glu Glu Ala Ala Ser
 115 120 125

Glu Asp Glu Asn Gly Asp Asp Gln Gly Phe Gln Glu Gly Glu Asp Glu
 130 135 140

Leu Gly Asp Glu Glu Glu Gly Ala Gly Asp Glu Asn Gly His Gly Glu
 145 150 155 160

Gln Gln Pro Gln Pro Pro Ala Thr Gln Gln Gln Gln Pro Gln Gln Gln
 165 170 175

Arg Gly Ala Ala Lys Glu Ala Ala Gly Lys Ser Ser Gly Pro Thr Ser
 180 185 190

Leu Phe Ala Val Thr Val Ala Pro Pro Gly Ala Arg Gln Gly Gln Gln
 195 200 205

Gln Ala Gly Gly Asp Gly Lys Thr Glu Gln Lys Gly Gly Asp Lys Lys
 210 215 220

Arg Gly Val Lys Arg Pro Arg Glu Asp His Gly Arg Gly Tyr Phe Glu
 225 230 235 240

Tyr Ile Glu Glu Asn Lys Tyr Ser Arg Ala Lys Ser Pro Gln Pro Pro
 245 250 255

Val Glu Glu Glu Asp Glu His Phe Asp Asp Thr Val Val Cys Leu Asp
 260 265 270

Thr Tyr Asn Cys Asp Leu His Phe Lys Ile Ser Arg Asp Arg Leu Ser
 275 280 285

Ala Ser Ser Leu Thr Met Glu Ser Phe Ala Phe Leu Trp Ala Gly Gly
 290 295 300

Arg Ala Ser Tyr Gly Val Ser Lys Gly Lys Val Cys Phe Glu Met Lys
 305 310 315 320

Val Thr Glu Lys Ile Pro Val Arg His Leu Tyr Thr Lys Asp Ile Asp
 325 330 335

Ile His Glu Val Arg Ile Gly Trp Ser Leu Thr Thr Ser Gly Met Leu
 340 345 350

Leu Gly Glu Glu Glu Phe Ser Tyr Gly Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Lys
 355 360 365

Thr Cys Asn Cys Glu Thr Glu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp Glu Asn
 370 375 380

Asp Val Ile Thr Cys Phe Ala Asn Phe Glu Ser Asp Glu Val Glu Leu
 385 390 395 400

Ser Tyr Ala Lys Asn Gly Gln Asp Leu Gly Val Ala Phe Lys Ile Ser
 405 410 415

Lys Glu Val Leu Ala Gly Arg Pro Leu Phe Pro His Val Leu Cys His
 420 425 430

Asn Cys Ala Val Glu Phe Asn Phe Gly Gln Lys Glu Lys Pro Tyr Phe
 435 440 445

Pro Ile Pro Glu Glu Tyr Thr Phe Ile Gln Asn Val Pro Leu Glu Asp
 450 455 460

Arg Val Arg Gly Pro Lys Gly Pro Glu Glu Lys Lys Asp Cys Glu Val
 465 470 475 480

Val Met Met Ile Gly Leu Pro Gly Ala Gly Lys Thr Thr Trp Val Thr
 485 490 495

Lys His Ala Ala Glu Asn Pro Gly Lys Tyr Asn Ile Leu Gly Thr Asn
 500 505 510

Thr Ile Met Asp Lys Met Met Val Ala Gly Phe Lys Lys Gln Met Ala
 515 520 525

Asp Thr Gly Lys Leu Asn Thr Leu Leu Gln Arg Ala Pro Gln Cys Leu
 530 535 540

Gly Lys Phe Ile Glu Ile Ala Ala Arg Lys Lys Arg Asn Phe Ile Leu
 545 550 555 560

Asp Gln Thr Asn Val Ser Ala Ala Ala Gln Arg Arg Lys Met Cys Leu
 565 570 575

Phe Ala Gly Phe Gln Arg Lys Ala Val Val Val Cys Pro Lys Asp Glu
 580 585 590

Asp Tyr Lys Gln Arg Thr Gln Lys Lys Ala Glu Val Glu Gly Lys Asp
 595 600 605

Leu Pro Glu His Ala Val Leu Lys Met Lys Gly Asn Phe Thr Leu Pro
 610 615 620

Glu Val Ala Glu Cys Phe Asp Glu Ile Thr Tyr Val Glu Leu Gln Lys
 625 630 635 640

Glu Glu Ala Gln Lys Leu Leu Glu Gln Tyr Lys Glu Glu Ser Lys Lys
 645 650 655

Ala Leu Pro Pro Glu Lys Lys Gln Asn Thr Gly Ser Lys Lys Ser Asn
 660 665 670

Lys Asn Lys Ser Gly Lys Asn Gln Phe Asn Arg Gly Gly Gly His Arg
675 680 685

Gly Arg Gly Gly Phe Asn Met Arg Gly Gly Asn Phe Arg Gly Gly Ala
690 695 700

Pro Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Asn Arg Arg Gly Asn Met Pro Gln Arg
705 710 715 720

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Gly Tyr Pro Tyr Pro Arg
725 730 735

Ala Pro Val Phe Pro Gly Arg Gly Ser Tyr Ser Asn Arg Gly Asn Tyr
740 745 750

Asn Arg Gly Gly Met Pro Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Phe Arg
755 760 765

Gly Arg Gly Asn Asn Arg Gly Tyr Lys Asn Gln Ser Gln Gly Tyr Asn
770 775 780

Gln Trp Gln Gln Gly Gln Phe Trp Gly Gln Lys Pro Trp Ser Gln His
785 790 795 800

Tyr His Gln Gly Tyr Tyr
805

<210> 21
<211> 3933
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (318).. (2861)
<223>

<400> 21
gcgagagtgg gtttgttctt gggctgcagc cgctgccgcc gcttctcgcc agcgccgttg 60
ctgcggggga ttgtgggagt ctccgcgtcc cgctcgctgg gagagaggta cctctccttt 120
61/201

62/201

aga gta cct agg gat gat tgg gaa gaa aaa agg cac ttt aga aga gat	878
Arg Val Pro Arg Asp Asp Trp Glu Glu Lys Arg His Phe Arg Arg Asp	
175 180 185	
agt ttt gat gat cgt ggt cct agt ctc aac cca gtg ctt gat tat gac	926
Ser Phe Asp Asp Arg Gly Pro Ser Leu Asn Pro Val Leu Asp Tyr Asp	
190 195 200	
cat gga agt cgt tct caa gaa tct ggt tat tat gac aga atg gat tat	974
His Gly Ser Arg Ser Gln Glu Ser Gly Tyr Tyr Asp Arg Met Asp Tyr	
205 210 215	
gaa gat gac aga tta aga gat gga gaa agg tgt agg gat gat tct ttt	1022
Glu Asp Asp Arg Leu Arg Asp Gly Glu Arg Cys Arg Asp Asp Ser Phe	
220 225 230 235	
ttt ggt gag acc tcg cat aac tat cat aaa ttt gac agt gag tat gag	1070
Phe Gly Glu Thr Ser His Asn Tyr His Lys Phe Asp Ser Glu Tyr Glu	
240 245 250	
aga atg gga cgt ggt cct ggc ccc tta caa gag aga tct ctc ttt gag	1118
Arg Met Gly Arg Gly Pro Gly Pro Leu Gln Glu Arg Ser Leu Phe Glu	
255 260 265	
aaa aag aga ggc gct cct cca agt agc aat att gaa gac ttc cat gga	1166
Lys Lys Arg Gly Ala Pro Pro Ser Ser Asn Ile Glu Asp Phe His Gly	
270 275 280	
ctc tta ccg aag ggt tat ccc cat ctg tgc tct ata tgt gat ttg cca	1214
Leu Leu Pro Lys Gly Tyr Pro His Leu Cys Ser Ile Cys Asp Leu Pro	
285 290 295	
gtt cat tct aat aag gag tgg agt caa cat atc aat gga gca agt cac	1262
Val His Ser Asn Lys Glu Trp Ser Gln His Ile Asn Gly Ala Ser His	
300 305 310 315	
agt cgt cga tgc cag ctt ctt ctt gaa atc tac cca gaa tgg aat cct	1310
Ser Arg Arg Cys Gln Leu Leu Leu Glu Ile Tyr Pro Glu Trp Asn Pro	
320 325 330	
gac aat gat aca gga cac aca atg ggt gat cca ttc atg ttg cag cag	1358
Asp Asn Asp Thr Gly His Thr Met Gly Asp Pro Phe Met Leu Gln Gln	
335 340 345	
tct aca aat cca gca cca gga att ctg gga cct cca cct ccc tca ttt	1406
Ser Thr Asn Pro Ala Pro Gly Ile Leu Gly Pro Pro Pro Pro Ser Phe	
350 355 360	
cat ctt ggg gga cca gca gtt gga cca aga gga aat ctg ggt gct gga	1454

His Leu Gly Gly Pro Ala Val Gly Pro Arg Gly Asn Leu Gly Ala Gly	
365 370 375	
aat gga aac ctg caa gga cct aga cac atg cag aaa ggc aga gtg gaa	1502
Asn Gly Asn Leu Gln Gly Pro Arg His Met Gln Lys Gly Arg Val Glu	
380 385 390 395	
act agc aga gtt gtt cac atc atg gat ttt caa cga ggg aaa aac ttg	1550
Thr Ser Arg Val Val His Ile Met Asp Phe Gln Arg Gly Lys Asn Leu	
400 405 410	
aga tac cag cta tta cag ctg gta gaa cca ttt gga gtc att tca aat	1598
Arg Tyr Gln Leu Leu Gln Leu Val Glu Pro Phe Gly Val Ile Ser Asn	
415 420 425	
cat ctg att cta aat aaa att aat gag gca ttt att gaa atg gca acc	1646
His Leu Ile Leu Asn Lys Ile Asn Glu Ala Phe Ile Glu Met Ala Thr	
430 435 440	
aca gag gat gct cag gcc gca gtg gat tat tac aca acc aca cca gcg	1694
Thr Glu Asp Ala Gln Ala Ala Val Asp Tyr Tyr Thr Thr Thr Pro Ala	
445 450 455	
tta gta ttt ggc aag cca gtg aga gtt cat tta tcc cag aag tat aaa	1742
Leu Val Phe Gly Lys Pro Val Arg Val His Leu Ser Gln Lys Tyr Lys	
460 465 470 475	
aga ata aag aaa cct gaa gga aag cca gat cag aag ttt gat caa aag	1790
Arg Ile Lys Lys Pro Glu Gly Lys Pro Asp Gln Lys Phe Asp Gln Lys	
480 485 490	
caa gag ctt gga cgt gtg ata cat ctc agc aat ttg ccg cat tct ggc	1838
Gln Glu Leu Gly Arg Val Ile His Leu Ser Asn Leu Pro His Ser Gly	
495 500 505	
tat tct gat agt gct gtt ctc aag ctt gct gag cct tat ggg aaa ata	1886
Tyr Ser Asp Ser Ala Val Leu Lys Leu Ala Glu Pro Tyr Gly Lys Ile	
510 515 520	
aag aat tac ata ttg atg agg atg aaa agt cag gct ttt att gag atg	1934
Lys Asn Tyr Ile Leu Met Arg Met Lys Ser Gln Ala Phe Ile Glu Met	
525 530 535	
gag aca aga gaa gat gca atg gca atg gtt gac cat tgt ttg aaa aaa	1982
Glu Thr Arg Glu Asp Ala Met Ala Met Val Asp His Cys Leu Lys Lys	
540 545 550 555	
gcc ctt tgg ttt cag ggg aga tgt gtg aag gtt gac ctg tct gag aaa	2030
Ala Leu Trp Phe Gln Gly Arg Cys Val Lys Val Asp Leu Ser Glu Lys	
560 565 570	

tat aaa aaa ctg gtt ctg agg att cca aac aga ggc att gat tta ctg Tyr Lys Lys Leu Val Leu Arg Ile Pro Asn Arg Gly Ile Asp Leu Leu 575 580 585	2078
aaa aaa gat aaa tcc cga aaa aga tct tac tct cca gat ggc aaa gaa Lys Lys Asp Lys Ser Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Pro Asp Gly Lys Glu 590 595 600	2126
tct cca agt gat aag aaa tcc aaa act gat ggt tcc cag aag act gag Ser Pro Ser Asp Lys Lys Ser Lys Thr Asp Gly Ser Gln Lys Thr Glu 605 610 615	2174
agt tca acc gaa ggt aaa gaa caa gaa gag aag tcc ggt gaa gat ggt Ser Ser Thr Glu Gly Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ser Gly Glu Asp Gly 620 625 630 635	2222
gag aaa gac aca aag gat gac cag aca gag cag gaa cct aat atg ctt Glu Lys Asp Thr Lys Asp Asp Gln Thr Glu Gln Glu Pro Asn Met Leu 640 645 650	2270
ctt gaa tct gaa gat gag cta ctt gta gat gaa gaa gaa gca gca gca Leu Glu Ser Glu Asp Glu Leu Leu Val Asp Glu Glu Glu Ala Ala Ala 655 660 665	2318
ctg cta gaa agt ggc agt tca gtg gga gac gag acc gat ctt gct aat Leu Leu Glu Ser Gly Ser Ser Val Gly Asp Glu Thr Asp Leu Ala Asn 670 675 680	2366
tta ggt gat gtg gct tct gat ggg aaa aag gaa cca tca gat aaa gct Leu Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly Lys Lys Glu Pro Ser Asp Lys Ala 685 690 695	2414
gtg aaa aaa gat gga agt gct tca gca gca gca aag aaa aag ctt aaa Val Lys Lys Asp Gly Ser Ala Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Leu Lys 700 705 710 715	2462
aag gtg gac aag atc gag gaa ctt gat caa gaa aac gaa gca gcg ttg Lys Val Asp Lys Ile Glu Glu Leu Asp Gln Glu Asn Glu Ala Ala Leu 720 725 730	2510
gaa aat gga att aaa aat gag gaa aac aca gaa cca ggt gct gaa tct Glu Asn Gly Ile Lys Asn Glu Glu Asn Thr Glu Pro Gly Ala Glu Ser 735 740 745	2558
tct gag aac gct gat gat ccc aac aaa gat aca agt gaa aac gca gat Ser Glu Asn Ala Asp Asp Pro Asn Lys Asp Thr Ser Glu Asn Ala Asp 750 755 760	2606
ggt caa agt gat gag aac aag gac gac tat aca atc cca gat gag tat 65/201	2654

Gly	Gln	Ser	Asp	Glu	Asn	Lys	Asp	Asp	Tyr	Thr	Ile	Pro	Asp	Glu	Tyr		
765						770					775						
aga	att	gga	cca	tat	cag	ccc	aat	gtt	cct	gtt	ggg	ata	gac	tat	gtg	2702	
Arg	Ile	Gly	Pro	Tyr	Gln	Pro	Asn	Val	Pro	Val	Gly	Ile	Asp	Tyr	Val		
780					785					790					795		
ata	cct	aaa	aca	ggg	ttt	tac	tgt	aag	ctg	tgt	tca	ctc	ttt	tat	aca	2750	
Ile	Pro	Lys	Thr	Gly	Phe	Tyr	Cys	Lys	Leu	Cys	Ser	Leu	Phe	Tyr	Thr		
				800						805					810		
aat	gaa	gaa	gtt	gca	aag	aat	act	cat	tgc	agc	agc	ctt	cct	cat	tat	2798	
Asn	Glu	Glu	Val	Ala	Lys	Asn	Thr	His	Cys	Ser	Ser	Leu	Pro	His	Tyr		
				815					820						825		
cag	aaa	tta	aag	aaa	ttt	ctg	aat	aaa	ttg	gca	gaa	gaa	cgc	aga	cag	2846	
Gln	Lys	Leu	Lys	Lys	Phe	Leu	Asn	Lys	Leu	Ala	Glu	Glu	Arg	Arg	Gln		
				830					835						840		
aag	aag	gaa	act	taa	gat	gtg	caag	gag	att	taaat	gatt	tcaa	aag	aaa	ataat	gg	2901
Lys	Lys	Glu	Thr														
				845													
ttctttgttt	ttaatgttaa	ccttttttaa	atacaatact	gatagttaga	agaaaactat											2961	
tgtactcttt	tgttttagtg	gagaaataat	agatgtctgt	tcatgtgta	agtgttatag											3021	
caaaaaaaaaat	acacatatgg	ttaagttaat	gaatagtttt	tgttttatca	gaatggcaac											3081	
agacagaagt	actttgtaga	gattgacttc	ctaagctact	taagacaact	tgcaccacta											3141	
agaaaaaaaaat	gtagaacat	ttggaaaaat	gaaatttagt	agttccaagt	ttcaaagaaa											3201	
tgtcaacatt	ttattccatt	caataaagaa	caaaaccaat	agtgttttta	ttactttcat											3261	
ctgaaacatt	ccatgtttta	atctgagcct	tgcagacttt	catttggagt	ttgaaccctg											3321	
tttggttgca	tttcattttt	ggagaactta	attaacgtga	gattggcaat	tgaaatgcag											3381	
gtgcagtttt	ctgttaatgt	catgctgttg	tttaggtaat	aagaaatatt	aagtaattgg											3441	
ctttagattt	tgtaattttt	ttccctgagt	tcctgctaga	tttcgtattc	tagtagtcaa											3501	
tgtattttca	gtgaaatgca	aaaatatccc	cgttatcttt	gaccagtatt	aatttttgag											3561	
atcttactgc	ttgtcacttg	aatcccgtga	ttgtcataca	tctctggtat	aagcaacatt											3621	
tgatttttga	agtgtgtaga	ccatctcttc	atattttcaa	gatgtaattt	tacatttctg											3681	
cattttttaa	acagtttggc	cataatccta	gatgcacgct	tctaattcat	gtacctgcac											3741	

atgtgacctt tgtgaacaga aatttgcattg tataatttgt gtttacttgt aactttctgg 3801
 ttatatactg cttatatctg tggattcaag ttactgaagt gaataccaat aaaaagaaaa 3861
 ccctaggcca tggttaattgg ttatacatgt ttggaatggt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3921
 aaaaaaaaaa aa 3933

<210> 22
 <211> 847
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 22

Met Ser Lys Ser Phe Gln Gln Ser Ser Leu Ser Arg Asp Ser Gln Gly
 1 5 10 15

His Gly Arg Asp Leu Ser Ala Ala Gly Ile Gly Leu Leu Ala Ala Ala
 20 25 30

Thr Gln Ser Leu Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Arg Met Asn Gln Gly
 35 40 45

Thr Ala Arg Leu Ala Ser Leu Met Asn Leu Gly Met Ser Ser Ser Leu
 50 55 60

Asn Gln Gln Gly Ala His Ser Ala Leu Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser
 65 70 75 80

His Asn Leu Gln Ser Ile Phe Asn Ile Gly Ser Arg Gly Pro Leu Pro
 85 90 95

Leu Ser Ser Gln His Arg Gly Asp Ala Asp Gln Ala Ser Asn Ile Leu
 100 105 110

Ala Ser Phe Gly Leu Ser Ala Arg Asp Leu Asp Glu Leu Ser Arg Tyr
 115 120 125

Pro Glu Asp Lys Ile Thr Pro Glu Asn Leu Pro Gln Ile Leu Leu Gln
 67/201

130		135		140
Leu Lys Arg Arg Arg Thr Glu Glu Gly Pro Thr Leu Ser Tyr Gly Arg				
145		150		155
				160
Asp Gly Arg Ser Ala Thr Arg Glu Pro Pro Tyr Arg Val Pro Arg Asp				
	165		170	175
Asp Trp Glu Glu Lys Arg His Phe Arg Arg Asp Ser Phe Asp Asp Arg				
	180		185	190
Gly Pro Ser Leu Asn Pro Val Leu Asp Tyr Asp His Gly Ser Arg Ser				
	195		200	205
Gln Glu Ser Gly Tyr Tyr Asp Arg Met Asp Tyr Glu Asp Asp Arg Leu				
	210		215	220
Arg Asp Gly Glu Arg Cys Arg Asp Asp Ser Phe Phe Gly Glu Thr Ser				
225		230		235
				240
His Asn Tyr His Lys Phe Asp Ser Glu Tyr Glu Arg Met Gly Arg Gly				
	245		250	255
Pro Gly Pro Leu Gln Glu Arg Ser Leu Phe Glu Lys Lys Arg Gly Ala				
	260		265	270
Pro Pro Ser Ser Asn Ile Glu Asp Phe His Gly Leu Leu Pro Lys Gly				
	275		280	285
Tyr Pro His Leu Cys Ser Ile Cys Asp Leu Pro Val His Ser Asn Lys				
	290		295	300
Glu Trp Ser Gln His Ile Asn Gly Ala Ser His Ser Arg Arg Cys Gln				
305		310		315
				320
Leu Leu Leu Glu Ile Tyr Pro Glu Trp Asn Pro Asp Asn Asp Thr Gly				
	325		330	335

His Thr Met Gly Asp Pro Phe Met Leu Gln Gln Ser Thr Asn Pro Ala
340 345 350

Pro Gly Ile Leu Gly Pro Pro Pro Pro Ser Phe His Leu Gly Gly Pro
355 360 365

Ala Val Gly Pro Arg Gly Asn Leu Gly Ala Gly Asn Gly Asn Leu Gln
370 375 380

Gly Pro Arg His Met Gln Lys Gly Arg Val Glu Thr Ser Arg Val Val
385 390 395 400

His Ile Met Asp Phe Gln Arg Gly Lys Asn Leu Arg Tyr Gln Leu Leu
405 410 415

Gln Leu Val Glu Pro Phe Gly Val Ile Ser Asn His Leu Ile Leu Asn
420 425 430

Lys Ile Asn Glu Ala Phe Ile Glu Met Ala Thr Thr Glu Asp Ala Gln
435 440 445

Ala Ala Val Asp Tyr Tyr Thr Thr Thr Pro Ala Leu Val Phe Gly Lys
450 455 460

Pro Val Arg Val His Leu Ser Gln Lys Tyr Lys Arg Ile Lys Lys Pro
465 470 475 480

Glu Gly Lys Pro Asp Gln Lys Phe Asp Gln Lys Gln Glu Leu Gly Arg
485 490 495

Val Ile His Leu Ser Asn Leu Pro His Ser Gly Tyr Ser Asp Ser Ala
500 505 510

Val Leu Lys Leu Ala Glu Pro Tyr Gly Lys Ile Lys Asn Tyr Ile Leu
515 520 525

Met Arg Met Lys Ser Gln Ala Phe Ile Glu Met Glu Thr Arg Glu Asp
69/201

530	535	540
Ala Met Ala Met Val Asp His Cys Leu Lys Lys Ala Leu Trp Phe Gln		
545	550	555 560
Gly Arg Cys Val Lys Val Asp Leu Ser Glu Lys Tyr Lys Lys Leu Val		
	565	570 575
Leu Arg Ile Pro Asn Arg Gly Ile Asp Leu Leu Lys Lys Asp Lys Ser		
	580	585 590
Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Pro Asp Gly Lys Glu Ser Pro Ser Asp Lys		
	595	600 605
Lys Ser Lys Thr Asp Gly Ser Gln Lys Thr Glu Ser Ser Thr Glu Gly		
	610	615 620
Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ser Gly Glu Asp Gly Glu Lys Asp Thr Lys		
	625	630 635 640
Asp Asp Gln Thr Glu Gln Glu Pro Asn Met Leu Leu Glu Ser Glu Asp		
	645	650 655
Glu Leu Leu Val Asp Glu Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Glu Ser Gly		
	660	665 670
Ser Ser Val Gly Asp Glu Thr Asp Leu Ala Asn Leu Gly Asp Val Ala		
	675	680 685
Ser Asp Gly Lys Lys Glu Pro Ser Asp Lys Ala Val Lys Lys Asp Gly		
	690	695 700
Ser Ala Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Leu Lys Lys Val Asp Lys Ile		
	705	710 715 720
Glu Glu Leu Asp Gln Glu Asn Glu Ala Ala Leu Glu Asn Gly Ile Lys		
	725	730 735

Asn Glu Glu Asn Thr Glu Pro Gly Ala Glu Ser Ser Glu Asn Ala Asp
 740 745 750

Asp Pro Asn Lys Asp Thr Ser Glu Asn Ala Asp Gly Gln Ser Asp Glu
 755 760 765

Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Ile Pro Asp Glu Tyr Arg Ile Gly Pro Tyr
 770 775 780

Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val Ile Pro Lys Thr Gly
 785 790 795 800

Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr Asn Glu Glu Val Ala
 805 810 815

Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr Gln Lys Leu Lys Lys
 820 825 830

Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln Lys Lys Glu Thr
 835 840 845

<210> 23
 <211> 1339
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (47)..(1018)
 <223>

<400> 23
 gaattccgat tagtgtgatc tcagctcaag gcaaaggtgg gatatc atg gca tct 55
 Met Ala Ser
 1

atc tgg gtt gga cac cga gga aca gta aga gat tat cca gac ttt agc 103
 Ile Trp Val Gly His Arg Gly Thr Val Arg Asp Tyr Pro Asp Phe Ser
 5 10 15

cca tca gtg gat gct gaa gct att cag aaa gca atc aga gga att gga 151
 Pro Ser Val Asp Ala Glu Ala Ile Gln Lys Ala Ile Arg Gly Ile Gly
 71/201

20	25	30	35	
act gat gag aaa atg ctc atc agc att ctg act gag agg tca aat gca				199
Thr Asp Glu Lys Met Leu Ile Ser Ile Leu Thr Glu Arg Ser Asn Ala				
	40	45	50	
cag cgg cag ctg att gtt aag gaa tat caa gca gca tat gga aag gag				247
Gln Arg Gln Leu Ile Val Lys Glu Tyr Gln Ala Ala Tyr Gly Lys Glu				
	55	60	65	
ctg aaa gat gac ttg aag ggt gat ctc tct ggc cac ttt gag cat ctc				295
Leu Lys Asp Asp Leu Lys Gly Asp Leu Ser Gly His Phe Glu His Leu				
	70	75	80	
atg gtg gcc cta gtg act cca cca gca gtc ttt gat gca aag cag cta				343
Met Val Ala Leu Val Thr Pro Pro Ala Val Phe Asp Ala Lys Gln Leu				
	85	90	95	
aag aaa tcc atg aag ggc gcg gga aca aac gaa gat gcc ttg att gaa				391
Lys Lys Ser Met Lys Gly Ala Gly Thr Asn Glu Asp Ala Leu Ile Glu				
100	105	110	115	
atc tta act acc agg aca agc agg caa atg aag gat atc tct caa gcc				439
Ile Leu Thr Thr Arg Thr Ser Arg Gln Met Lys Asp Ile Ser Gln Ala				
	120	125	130	
tat tat aca gta tac aag aag agt ctt gga gat gac att agt tcc gaa				487
Tyr Tyr Thr Val Tyr Lys Lys Ser Leu Gly Asp Asp Ile Ser Ser Glu				
	135	140	145	
aca tct ggt gac ttc cgg aaa gct ctg ttg act ttg gca gat ggc aga				535
Thr Ser Gly Asp Phe Arg Lys Ala Leu Leu Thr Leu Ala Asp Gly Arg				
	150	155	160	
aga gat gaa agt ctg aaa gtg gat gag cat ctg gcc aaa caa gat gcc				583
Arg Asp Glu Ser Leu Lys Val Asp Glu His Leu Ala Lys Gln Asp Ala				
	165	170	175	
cag att ctc tat aaa gct ggt gag aac aga tgg ggc acg gat gaa gac				631
Gln Ile Leu Tyr Lys Ala Gly Glu Asn Arg Trp Gly Thr Asp Glu Asp				
180	185	190	195	
aaa ttc act gag atc ctg tgt tta agg agc ttt cct caa tta aaa cta				679
Lys Phe Thr Glu Ile Leu Cys Leu Arg Ser Phe Pro Gln Leu Lys Leu				
	200	205	210	
aca ttt gat gaa tac aga aat atc agc caa aag gac att gtg gac agc				727
Thr Phe Asp Glu Tyr Arg Asn Ile Ser Gln Lys Asp Ile Val Asp Ser				
	215	220	225	

ata aaa gga gaa tta tct ggg cat ttt gaa gac tta ctg ttg gcc ata 775
 Ile Lys Gly Glu Leu Ser Gly His Phe Glu Asp Leu Leu Leu Ala Ile
 230 235 240

gtt aat tgt gtg agg aac acg ccg gcc ttt tta gcc gaa aga ctg cat 823
 Val Asn Cys Val Arg Asn Thr Pro Ala Phe Leu Ala Glu Arg Leu His
 245 250 255

cga gcc ttg aag ggt att gga act gat gag ttt act ctg aac cga ata 871
 Arg Ala Leu Lys Gly Ile Gly Thr Asp Glu Phe Thr Leu Asn Arg Ile
 260 265 270 275

atg gtg tcc aga tca gaa att gac ctt ttg gac att cga aca gag ttc 919
 Met Val Ser Arg Ser Glu Ile Asp Leu Leu Asp Ile Arg Thr Glu Phe
 280 285 290

aag aag cat tat ggc tat tcc cta tat tca gca att aaa tcg gat act 967
 Lys Lys His Tyr Gly Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Ile Lys Ser Asp Thr
 295 300 305

tct gga gac tat gaa atc aca ctc tta aaa atc tgt ggt gga gat gac 1015
 Ser Gly Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Lys Ile Cys Gly Gly Asp Asp
 310 315 320

tga accaagaaga taatctccaa aggtccacga tgggctttcc caacagctcc 1068

accttacttc ttctcatact atttaagaga acaagcaa ataaacagca acttgtgttc 1128

ctaacaggaa ttttcattgt tctataacaa caacaacaaa agcgattatt attttagagc 1188

atctcattta taatgtagca gctcataaat gaaattgaaa atggtattaa agatctgcaa 1248

ctactatcca acttatatatt ctgctttcaa agttaagaat ctttatagtt ctactccatt 1308

aaatataaag caagataata aaacggaatt c 1339

<210> 24

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 24

Met Ala Ser Ile Trp Val Gly His Arg Gly Thr Val Arg Asp Tyr Pro
 1 5 10 15

Asp Phe Ser Pro Ser Val Asp Ala Glu Ala Ile Gln Lys Ala Ile Arg
 20 25 30

Gly Ile Gly Thr Asp Glu Lys Met Leu Ile Ser Ile Leu Thr Glu Arg
 35 40 45

Ser Asn Ala Gln Arg Gln Leu Ile Val Lys Glu Tyr Gln Ala Ala Tyr
 50 55 60

Gly Lys Glu Leu Lys Asp Asp Leu Lys Gly Asp Leu Ser Gly His Phe
 65 70 75 80

Glu His Leu Met Val Ala Leu Val Thr Pro Pro Ala Val Phe Asp Ala
 85 90 95

Lys Gln Leu Lys Lys Ser Met Lys Gly Ala Gly Thr Asn Glu Asp Ala
 100 105 110

Leu Ile Glu Ile Leu Thr Thr Arg Thr Ser Arg Gln Met Lys Asp Ile
 115 120 125

Ser Gln Ala Tyr Tyr Thr Val Tyr Lys Lys Ser Leu Gly Asp Asp Ile
 130 135 140

Ser Ser Glu Thr Ser Gly Asp Phe Arg Lys Ala Leu Leu Thr Leu Ala
 145 150 155 160

Asp Gly Arg Arg Asp Glu Ser Leu Lys Val Asp Glu His Leu Ala Lys
 165 170 175

Gln Asp Ala Gln Ile Leu Tyr Lys Ala Gly Glu Asn Arg Trp Gly Thr
 180 185 190

Asp Glu Asp Lys Phe Thr Glu Ile Leu Cys Leu Arg Ser Phe Pro Gln
 195 200 205

Leu Lys Leu Thr Phe Asp Glu Tyr Arg Asn Ile Ser Gln Lys Asp Ile
 210 215 220

Val Asp Ser Ile Lys Gly Glu Leu Ser Gly His Phe Glu Asp Leu Leu
 225 230 235 240

Leu Ala Ile Val Asn Cys Val Arg Asn Thr Pro Ala Phe Leu Ala Glu
 245 250 255

Arg Leu His Arg Ala Leu Lys Gly Ile Gly Thr Asp Glu Phe Thr Leu
 260 265 270

Asn Arg Ile Met Val Ser Arg Ser Glu Ile Asp Leu Leu Asp Ile Arg
 275 280 285

Thr Glu Phe Lys Lys His Tyr Gly Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Ile Lys
 290 295 300

Ser Asp Thr Ser Gly Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Lys Ile Cys Gly
 305 310 315 320

Gly Asp Asp

<210> 25
 <211> 1659
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (152).. (1201)
 <223>

<400> 25
 gctgggggcg ggtcctgcgg caccgcccgg gaagctgcgc gagggtcgac agcctccgcc 60
 acatcctcca cctctcttgg tccagcgagc gttgccgggc cagggtcaag cggagggctc 120
 cgacggcgcg gacggagcga agcgccgagc c atg gcg cac caa acg ggc atc 172
 Met Ala His Gln Thr Gly Ile
 1 5

cac gcc acg gaa gag ctg aag gaa ttc ttt gcc aag gca cgg gct ggc 220
 His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly
 10 15 20

tct gtg cgg ctc atc aag gtt gtg att gag gac gag cag ctc gtg ctg Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu 25 30 35	268
ggt gcc tcg cag gag cca gta ggc cgc tgg gat cag gac tat gac agg Gly Ala Ser Gln Glu Pro Val Gly Arg Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Arg 40 45 50 55	316
gcc gtg ctg cca ctg ctg gac gcc cag cag ccc tgc tac ctg ctc tac Ala Val Leu Pro Leu Leu Asp Ala Gln Gln Pro Cys Tyr Leu Leu Tyr 60 65 70	364
cgc ctc gac tca cag aat gct cag ggc ttc gaa tgg ctc ttc ctc gcc Arg Leu Asp Ser Gln Asn Ala Gln Gly Phe Glu Trp Leu Phe Leu Ala 75 80 85	412
tgg tcg cct gat aac tcc ccc gtg cgg ctg aag atg ctg tac gcg gcc Trp Ser Pro Asp Asn Ser Pro Val Arg Leu Lys Met Leu Tyr Ala Ala 90 95 100	460
acg cgg gcc aca gtg aaa aag gag ttt gga ggt ggc cac atc aag gat Thr Arg Ala Thr Val Lys Lys Glu Phe Gly Gly Gly His Ile Lys Asp 105 110 115	508
gag ctc ttc ggg act gtg aag gat gac ctc tct ttt gct ggg tac cag Glu Leu Phe Gly Thr Val Lys Asp Asp Leu Ser Phe Ala Gly Tyr Gln 120 125 130 135	556
aaa cac ctg tcg tcc tgt gcg gca cct gcc ccg ctg acc tcg gct gag Lys His Leu Ser Ser Cys Ala Ala Pro Ala Pro Leu Thr Ser Ala Glu 140 145 150	604
aga gag ctc cag cag atc cgc att aac gag gtg aag aca gag atc agt Arg Glu Leu Gln Gln Ile Arg Ile Asn Glu Val Lys Thr Glu Ile Ser 155 160 165	652
gtg gaa agc aag cac cag acc ctg cag ggc ctc gcc ttc ccc ctg cag Val Glu Ser Lys His Gln Thr Leu Gln Gly Leu Ala Phe Pro Leu Gln 170 175 180	700
cct gag gcc cag cgg gca ctc cag cag ctc aag cag aaa atg gtc aac Pro Glu Ala Gln Arg Ala Leu Gln Gln Leu Lys Gln Lys Met Val Asn 185 190 195	748
tac atc cag atg aag ctg gac cta gag cgg gaa acc att gag ctg gtg Tyr Ile Gln Met Lys Leu Asp Leu Glu Arg Glu Thr Ile Glu Leu Val 200 205 210 215	796
cac aca gag ccc acg gat gtg gcc cag ctg ccc tcc cgg gtg ccc cga 76/201	844

His Thr Glu Pro Thr Asp Val Ala Gln Leu Pro Ser Arg Val Pro Arg	
220 225 230	
gat gct gcc cgc tac cac ttc ttc ctc tac aag cac acc cat gag ggc	892
Asp Ala Ala Arg Tyr His Phe Phe Leu Tyr Lys His Thr His Glu Gly	
235 240 245	
gac ccc ctt gag tct gta gtg ttc atc tac tcc atg ccg ggg tac aag	940
Asp Pro Leu Glu Ser Val Val Phe Ile Tyr Ser Met Pro Gly Tyr Lys	
250 255 260	
tgc agc atc aag gag cga atg ctc tac tcc agc tgc aag agc cgc ctc	988
Cys Ser Ile Lys Glu Arg Met Leu Tyr Ser Ser Cys Lys Ser Arg Leu	
265 270 275	
ctc gac tcc gtg gag cag gac ttc cat ctg gag atc gcc aag aaa att	1036
Leu Asp Ser Val Glu Gln Asp Phe His Leu Glu Ile Ala Lys Lys Ile	
280 285 290 295	
gag att ggc gat ggg gca gag ctg acg gca gag ttc ctc tac gac gag	1084
Glu Ile Gly Asp Gly Ala Glu Leu Thr Ala Glu Phe Leu Tyr Asp Glu	
300 305 310	
gtg cac ccc aag caa cac gcc ttc aag cag gcc ttc gcc aag ccc aag	1132
Val His Pro Lys Gln His Ala Phe Lys Gln Ala Phe Ala Lys Pro Lys	
315 320 325	
ggc cca ggg ggc aag cgg ggc cat aag cgc ctc atc cgc ggc ccg ggt	1180
Gly Pro Gly Gly Lys Arg Gly His Lys Arg Leu Ile Arg Gly Pro Gly	
330 335 340	
gaa aat ggg gat gac agc tag gaggttgag cagggccggc cacgtgtgga	1231
Glu Asn Gly Asp Asp Ser	
345	
ctgtggggct gccaccttc cgtccctgc caccatcctc cttcctgggc tccaggaaag	1291
tggtttctggg aggtcaggag ggctggcagc tgaacgcact tgcagcgtcc gagggccacc	1351
gggctggcat tttgtgacct ttccctgttg ctgtccctgc atctcgtctg tgtgcccagg	1411
gtgtccgggg accctgcctg gctggcttaa gggggctggg tcaggggcct ggcatgaacc	1471
tggcctcccg gggagctgag actagggtcc cagcacagcc cagaaacctt tggccacaag	1531
aagtggggtc agtcagggtt ggggcagggg tcaactgcagt ttgggatggt tgaatgctgt	1591
atctttctaaa gaataaaata tttttaaatc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	1651
aaaaaaaa	1659

<210> 26
 <211> 349
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 26

Met Ala His Gln Thr Gly Ile His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe
 1 5 10 15

Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile
 20 25 30

Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu Gly Ala Ser Gln Glu Pro Val Gly Arg
 35 40 45

Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Arg Ala Val Leu Pro Leu Leu Asp Ala Gln
 50 55 60

Gln Pro Cys Tyr Leu Leu Tyr Arg Leu Asp Ser Gln Asn Ala Gln Gly
 65 70 75 80

Phe Glu Trp Leu Phe Leu Ala Trp Ser Pro Asp Asn Ser Pro Val Arg
 85 90 95

Leu Lys Met Leu Tyr Ala Ala Thr Arg Ala Thr Val Lys Lys Glu Phe
 100 105 110

Gly Gly Gly His Ile Lys Asp Glu Leu Phe Gly Thr Val Lys Asp Asp
 115 120 125

Leu Ser Phe Ala Gly Tyr Gln Lys His Leu Ser Ser Cys Ala Ala Pro
 130 135 140

Ala Pro Leu Thr Ser Ala Glu Arg Glu Leu Gln Gln Ile Arg Ile Asn
 145 150 155 160

Glu Val Lys Thr Glu Ile Ser Val Glu Ser Lys His Gln Thr Leu Gln
 78/201

165	170	175
Gly Leu Ala Phe Pro Leu Gln Pro Glu Ala Gln Arg Ala Leu Gln Gln		
180	185	190
Leu Lys Gln Lys Met Val Asn Tyr Ile Gln Met Lys Leu Asp Leu Glu		
195	200	205
Arg Glu Thr Ile Glu Leu Val His Thr Glu Pro Thr Asp Val Ala Gln		
210	215	220
Leu Pro Ser Arg Val Pro Arg Asp Ala Ala Arg Tyr His Phe Phe Leu		
225	230	235
Tyr Lys His Thr His Glu Gly Asp Pro Leu Glu Ser Val Val Phe Ile		
245	250	255
Tyr Ser Met Pro Gly Tyr Lys Cys Ser Ile Lys Glu Arg Met Leu Tyr		
260	265	270
Ser Ser Cys Lys Ser Arg Leu Leu Asp Ser Val Glu Gln Asp Phe His		
275	280	285
Leu Glu Ile Ala Lys Lys Ile Glu Ile Gly Asp Gly Ala Glu Leu Thr		
290	295	300
Ala Glu Phe Leu Tyr Asp Glu Val His Pro Lys Gln His Ala Phe Lys		
305	310	315
Gln Ala Phe Ala Lys Pro Lys Gly Pro Gly Gly Lys Arg Gly His Lys		
325	330	335
Arg Leu Ile Arg Gly Pro Gly Glu Asn Gly Asp Asp Ser		
340	345	

<210> 27
 <211> 2765
 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91).. (837)

<223>

<400> 27

gggagacgtg gtgccgctgc gggctcgctc tgccgtgcgc taggcttggt gggaaggcct 60

gttctcgagt ccgcgctttt cgtcaccgcc atg tcg gga ggt ggt gtg att cgt 114
Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg
1 5

ggc ccc gca ggg aac aac gat tgc cgc atc tac gtg ggt aac tta cct 162
Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro
10 15 20

cca gac atc cga acc aag gac att gag gac gtg ttc tac aaa tac ggc 210
Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly
25 30 35 40

gct atc cgc gac atc gac ctc aag aat cgc cgc ggg gga ccg ccc ttc 258
Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe
45 50 55

gcc ttc gtt gag ttc gag gac ccg cga gac gcg gaa gac gcg gtg tat 306
Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr
60 65 70

ggt cgc gac ggc tat gat tac gat ggg tac cgt ctg cgg gtg gag ttt 354
Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe
75 80 85

cct cga agc ggc cgt gga aca ggc cga ggc ggc ggc ggg ggt gga ggt 402
Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
90 95 100

ggc gga gct ccc cga ggt cgc tat ggc ccc cca tcc agg cgg tct gaa 450
Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu
105 110 115 120

aac aga gtg gtt gtc tct gga ctg cct cca agt gga agt tgg cag gat 498
Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp
125 130 135

tta aag gat cac atg cgt gaa gca ggt gat gta tgt tat gct gat gtt 546
Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val
140 145 150

tac cga gat ggc act ggt gtc gtg gag ttt gta cgg aaa gaa gat atg	594
Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met	
155 160 165	
acc tat gca gtt cga aaa ctg gat aac act aag ttt aga tct cat gag	642
Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu	
170 175 180	
gga gaa act gcc tac atc cgg gtt aaa gtt gat ggg ccc aga agt cca	690
Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro	
185 190 195 200	
agt tat gga aga tct cga tct cga agc cgt agt cgt agc aga agc cgt	738
Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg	
205 210 215	
agc aga agc aac agc agg agt cgc agt tac tcc cca agg aga agc aga	786
Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg	
220 225 230	
gga tca cca cgc tat tct ccc cgt cat agc aga tct cgc tct cgt aca	834
Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr	
235 240 245	
taa gatgattggt gacacttttt gtagaacecca tgttgtatac agttttcctt	887
tattcagtac aatcttttca ttttttaatt caaactgttt tgttcagaat gggctaaagt	947
gttgaattgc attcttgtaa tatcccccttg ctccctaacat ctacattccc ttctgtgtctt	1007
tgataaattg tattttaagt gatgtcatag acaggattgt ttaaatttag ttaactccat	1067
actcttcaga ctgtgatatt gtgtaaatgt ctatctgccc tggtttgtgt gaactgggat	1127
gttgggggtg tttgtggtta tcttacctgg ggaagttctt atgtttatct tgcttttcat	1187
gtgtctttct gtagacatat ctgaagagat ggattaagaa tgctttggat taaggattgt	1247
ggagcacatt tcaatcattt taggattgtc aaaaggagga ttgaggagga tcagatcaat	1307
aatggaggca atggtatgac tccaagtgtc attgtcacag atgaaattgg cagtattgac	1367
cttatactaa aaggcagggg ttaaaaatga ttatatacat tttccttaaa acatttgcaa	1427
acattttatt cagttgtctt tagctacaat tgctttgctt tttaaaccctt ggcaattgtg	1487
gcaaaattat attgcccatt ttgtagcaac ttattttget cccttcccc catttttgtt	1547
ttaataggga ctaatgtggg aagaactggc taatttgtca cagtgttag ttacaactgt	1607

taatgtgtga cctgctgttg gtgtacatgt gggtacaggg tgttttttaa tccaacaaga 1667
 tagagtataa tatcaatact gctaaatctg catgtcctct gtgtgactga tagagcgttg 1727
 ctatttcatt tttttaagac aaaatgaaag caaaatatag agttccaatg tattggtgta 1787
 gataatctag ttgggaatac ttttaagtct caccttcccc tttaaactaa tattcataat 1847
 tggttcataat gtttaaaaga ctttaattta caaattaaat tgcaaattggg agcattagat 1907
 ttagttagtag acttaggttg gtagcaatgc cagtaaactt aaattacgta acttcttgca 1967
 accacgaaac ctgtaatacg ctgtacagta acaagtgttg gcattatcag ttgaactgta 2027
 aatacaaaat gcttcttcca attagtctct atgatgatta agtttctaaa atttatctga 2087
 acaccattca gaaacttggt ttggggaatt tgatagttat tgatgtgcat ctgttaaact 2147
 gatgacagac ataactcatc attccccaga aacctttttt gattacagta tctaacattt 2207
 tgccctcctct tttttggttt tgctggttat aaaggtttgg attggagagg gctcactgga 2267
 tcccaatcct tggagctgga tcattggatt caaatcataa tgtggatagg atagggagga 2327
 tgaattaccc aggattcatg gagcgggatc agattaccag gaacatagga gtggattcct 2387
 gcccacaacca aaccgcattc gtgtggattt ttttattcaa cttaattggc tattccaaag 2447
 attttttttt tcctattttt gacgattgga gcccttaaga tgcacgatgg aattgtgttt 2507
 tgcgtttttt ggtaaaagga gcaaagcgag gacctggaga taaacgctgg agcaatctcc 2567
 ttggaaggat tcagcacgag tagatggtaa acatttaaag gggaaagggg gggtttgttt 2627
 aaaatagtaa atcagtaagt cacttctaaa tttaaagaaa acaaaattgg agttgaagaa 2687
 taagtaggtt tccaattggc tattgccgtt ttctttgaaa aaataaacat tttttaaaaa 2747
 actaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2765

<210> 28
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 28

Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys

1

5

10

15

Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile
 20 25 30

Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys
 35 40 45

Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro
 50 55 60

Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp
 65 70 75 80

Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly
 85 90 95

Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr
 100 105 110

Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu
 115 120 125

Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala
 130 135 140

Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val
 145 150 155 160

Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp
 165 170 175

Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val
 180 185 190

Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg
 195 200 205

Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg
 210 215 220

Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg
 225 230 235 240

His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr
 245

<210> 29
 <211> 1167
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (73).. (966)
 <223>

<400> 29
 gccaaacttct ccagccggcc ggggcgagcg ccagcgcggc gtccggggcg agtgacacgc 60

agagctgaag cc atg gtt cat cag gtg ctc tac cgg gcg ctg gtc tcc acc 111
 Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr
 1 5 10

aag tgg ctg gcg gag tcc atc agg act ggc aag ctg ggg ccc ggc ctg 159
 Lys Trp Leu Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu
 15 20 25

cgg gtg ctg gac gcg tcc tgg tac tca cca ggc acc cga gag gcc cgc 207
 Arg Val Leu Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg
 30 35 40 45

aag gag tac ctc gag cgc cac gta ccc ggc gcc tct ttc ttt gac ata 255
 Lys Glu Tyr Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile
 50 55 60

gaa gag tgc cgg gac acg gcg tcg ccc tac gag atg atg ctg ccc agc 303
 Glu Glu Cys Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser
 65 70 75

gag gct ggc ttc gcc gag tat gtg ggc cgc ctg ggc atc agc aac cac 351
 Glu Ala Gly Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His
 80 85 90

acg cac gtg gtg gtg tat gat ggt gaa cac ctg ggc agc ttc tat gct 399
 84/201

Thr	His	Val	Val	Val	Tyr	Asp	Gly	Glu	His	Leu	Gly	Ser	Phe	Tyr	Ala	
95						100					105					
ccc	cgg	gtc	tgg	tgg	atg	ttc	cgt	gtg	ttt	ggc	cac	cgc	acc	gta	tca	447
Pro	Arg	Val	Trp	Trp	Met	Phe	Arg	Val	Phe	Gly	His	Arg	Thr	Val	Ser	
110					115					120					125	
gtg	ctc	aat	ggt	ggc	ttc	cgg	aac	tgg	ctg	aag	gag	ggc	cac	ccg	gtg	495
Val	Leu	Asn	Gly	Gly	Phe	Arg	Asn	Trp	Leu	Lys	Glu	Gly	His	Pro	Val	
				130					135					140		
aca	tcc	gag	ccc	tca	cgc	cca	gaa	ccg	gcc	gtc	ttc	aaa	gcc	aca	ctg	543
Thr	Ser	Glu	Pro	Ser	Arg	Pro	Glu	Pro	Ala	Val	Phe	Lys	Ala	Thr	Leu	
			145					150					155			
gac	cgc	tcc	ctg	ctc	aag	acc	tac	gag	cag	gtg	ctg	gag	aac	ctt	gaa	591
Asp	Arg	Ser	Leu	Leu	Lys	Thr	Tyr	Glu	Gln	Val	Leu	Glu	Asn	Leu	Glu	
		160					165					170				
tct	aag	agg	ttc	cag	ctg	gtg	gat	tca	agg	tct	caa	ggg	cgg	ttc	ctg	639
Ser	Lys	Arg	Phe	Gln	Leu	Val	Asp	Ser	Arg	Ser	Gln	Gly	Arg	Phe	Leu	
	175					180					185					
ggc	acc	gag	ccg	gag	ccg	gat	gca	gta	gga	ctg	gac	tcg	ggc	cat	atc	687
Gly	Thr	Glu	Pro	Glu	Pro	Asp	Ala	Val	Gly	Leu	Asp	Ser	Gly	His	Ile	
190					195				200						205	
cgt	ggt	gcc	gtc	aac	atg	cct	ttc	atg	gac	ttc	ctg	act	gag	gat	ggc	735
Arg	Gly	Ala	Val	Asn	Met	Pro	Phe	Met	Asp	Phe	Leu	Thr	Glu	Asp	Gly	
				210					215					220		
ttc	gag	aag	ggc	cca	gaa	gag	ctc	cgt	gct	ctg	ttc	cag	acc	aag	aag	783
Phe	Glu	Lys	Gly	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg	Ala	Leu	Phe	Gln	Thr	Lys	Lys	
			225					230				235				
gtg	gat	ctc	tcg	cag	cct	ctc	att	gcc	acg	tgc	cgc	aag	gga	gtc	acc	831
Val	Asp	Leu	Ser	Gln	Pro	Leu	Ile	Ala	Thr	Cys	Arg	Lys	Gly	Val	Thr	
		240					245					250				
gcc	tgc	cac	gtg	gcc	ttg	gct	gcc	tac	ctc	tgc	ggc	aag	cct	gat	gtg	879
Ala	Cys	His	Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Tyr	Leu	Cys	Gly	Lys	Pro	Asp	Val	
	255					260					265					
gcc	gtg	tac	gat	ggc	tcc	tgg	tcc	gag	tgg	ttt	cgc	cgg	gcc	ccc	cca	927
Ala	Val	Tyr	Asp	Gly	Ser	Trp	Ser	Glu	Trp	Phe	Arg	Arg	Ala	Pro	Pro	
270					275					280					285	
gag	agc	cgt	gtg	tcc	cag	gga	aag	tct	gag	aag	gcc	tga	gccgtgacct			976
Glu	Ser	Arg	Val	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Glu	Lys	Ala					
				290					295							

cttctgctta ctgtaactgc ggccggttta gtgaccccat gacttacagc cggttcttac 1036
 ctcttaggtg aaggagatga catgttttta gaattgctgt gcaaggctca cctctctct 1096
 gtcaacactg gaataaactt tgccttttct gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1156
 aaaaaaaaaa a 1167

<210> 30
 <211> 297
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 30

Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr Lys Trp Leu
 1 5 10 15

Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu Arg Val Leu
 20 25 30

Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg Lys Glu Tyr
 35 40 45

Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile Glu Glu Cys
 50 55 60

Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser Glu Ala Gly
 65 70 75 80

Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His Thr His Val
 85 90 95

Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala Pro Arg Val
 100 105 110

Trp Trp Met Phe Arg Val Phe Gly His Arg Thr Val Ser Val Leu Asn
 115 120 125

Gly Gly Phe Arg Asn Trp Leu Lys Glu Gly His Pro Val Thr Ser Glu
 86/201

130 135 140
 Pro Ser Arg Pro Glu Pro Ala Val Phe Lys Ala Thr Leu Asp Arg Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Thr Tyr Glu Gln Val Leu Glu Asn Leu Glu Ser Lys Arg
 165 170 175
 Phe Gln Leu Val Asp Ser Arg Ser Gln Gly Arg Phe Leu Gly Thr Glu
 180 185 190
 Pro Glu Pro Asp Ala Val Gly Leu Asp Ser Gly His Ile Arg Gly Ala
 195 200 205
 Val Asn Met Pro Phe Met Asp Phe Leu Thr Glu Asp Gly Phe Glu Lys
 210 215 220
 Gly Pro Glu Glu Leu Arg Ala Leu Phe Gln Thr Lys Lys Val Asp Leu
 225 230 235 240
 Ser Gln Pro Leu Ile Ala Thr Cys Arg Lys Gly Val Thr Ala Cys His
 245 250 255
 Val Ala Leu Ala Ala Tyr Leu Cys Gly Lys Pro Asp Val Ala Val Tyr
 260 265 270
 Asp Gly Ser Trp Ser Glu Trp Phe Arg Arg Ala Pro Pro Glu Ser Arg
 275 280 285
 Val Ser Gln Gly Lys Ser Glu Lys Ala
 290 295

<210> 31
 <211> 2110
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS

<222> (48).. (1346)

<223>

<400> 31

```

ctgaggccca gcccccttcg cccgtttcca tcacgagtgc cgccage atg tct gac      56
                                   Met Ser Asp
                                   1

aaa ctg ccc tac aaa gtc gcc gac atc ggc ctg gct gcc tgg gga cgc      104
Lys Leu Pro Tyr Lys Val Ala Asp Ile Gly Leu Ala Ala Trp Gly Arg
   5                               10                               15

aag gcc ctg gac att gct gag aac gag atg ccg ggc ctg atg cgt atg      152
Lys Ala Leu Asp Ile Ala Glu Asn Glu Met Pro Gly Leu Met Arg Met
20                               25                               30                               35

cgg gag cgg tac tcg gcc tcc aag cca ctg aag ggc gcc cgc atc gct      200
Arg Glu Arg Tyr Ser Ala Ser Lys Pro Leu Lys Gly Ala Arg Ile Ala
                               40                               45                               50

ggc tgc ctg cac atg acc gtg gag acg gcc gtc ctc att gag acc ctc      248
Gly Cys Leu His Met Thr Val Glu Thr Ala Val Leu Ile Glu Thr Leu
                               55                               60                               65

gtc acc ctg ggt gct gag gtg cag tgg tcc agc tgc aac atc ttc tcc      296
Val Thr Leu Gly Ala Glu Val Gln Trp Ser Ser Cys Asn Ile Phe Ser
   70                               75                               80

acc cag gac cat gcg gcg gct gcc att gcc aag gct ggc att ccg gtg      344
Thr Gln Asp His Ala Ala Ala Ile Ala Lys Ala Gly Ile Pro Val
   85                               90                               95

tat gcc tgg aag ggc gaa acg gac gag gag tac ctg tgg tgc att gag      392
Tyr Ala Trp Lys Gly Glu Thr Asp Glu Glu Tyr Leu Trp Cys Ile Glu
100                               105                               110                               115

cag acc ctg tac ttc aag gac ggg ccc ctc aac atg att ctg gac gac      440
Gln Thr Leu Tyr Phe Lys Asp Gly Pro Leu Asn Met Ile Leu Asp Asp
                               120                               125                               130

ggg ggc gac ctc acc aac ctc atc cac acc aag tac ccg cag ctt ctg      488
Gly Gly Asp Leu Thr Asn Leu Ile His Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Leu
                               135                               140                               145

cca ggc atc cga ggc atc tct gag gag acc acg act ggg gtc cac aac      536
Pro Gly Ile Arg Gly Ile Ser Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Asn
   150                               155                               160

ctc tac aag atg atg gcc aat ggg atc ctc aag gtg cct gcc atc aat      584
Leu Tyr Lys Met Met Ala Asn Gly Ile Leu Lys Val Pro Ala Ile Asn

```

165	170	175	
gtc aat gac tcc gtc acc aag agc aag ttt gac aac ctc tat ggc tgc Val Asn Asp Ser Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Leu Tyr Gly Cys 180 185 190 195			632
cgg gag tcc ctc ata gat ggc atc aag cgg gcc aca gat gtg atg att Arg Glu Ser Leu Ile Asp Gly Ile Lys Arg Ala Thr Asp Val Met Ile 200 205 210			680
gcc ggc aag gta gcg gtg gta gca ggc tat ggt gat gtg ggc aag ggc Ala Gly Lys Val Ala Val Val Ala Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly 215 220 225			728
tgt gcc cag gcc ctg cgg ggt ttc gga gcc cgc gtc atc atc acc gag Cys Ala Gln Ala Leu Arg Gly Phe Gly Ala Arg Val Ile Ile Thr Glu 230 235 240			776
att gac ccc atc aac gca ctg cag gct gcc atg gag ggc tat gag gtg Ile Asp Pro Ile Asn Ala Leu Gln Ala Ala Met Glu Gly Tyr Glu Val 245 250 255			824
acc acc atg gat gag gcc tgt cag gag ggc aac atc ttt gtc acc acc Thr Thr Met Asp Glu Ala Cys Gln Glu Gly Asn Ile Phe Val Thr Thr 260 265 270 275			872
aca ggc tgt att gac atc atc ctt ggc cgg cac ttt gag cag atg aag Thr Gly Cys Ile Asp Ile Ile Leu Gly Arg His Phe Glu Gln Met Lys 280 285 290			920
gat gat gcc att gtg tgt aac att gga cac ttt gac gtg gag atc gat Asp Asp Ala Ile Val Cys Asn Ile Gly His Phe Asp Val Glu Ile Asp 295 300 305			968
gtc aag tgg ctc aac gag aac gcc gtg gag aag gtg aac atc aag ccg Val Lys Trp Leu Asn Glu Asn Ala Val Glu Lys Val Asn Ile Lys Pro 310 315 320			1016
cag gtg gac cgg tat cgg ttg aag aat ggg cgc cgc atc atc ctg ctg Gln Val Asp Arg Tyr Arg Leu Lys Asn Gly Arg Arg Ile Ile Leu Leu 325 330 335			1064
gcc gag ggt cgg ctg gtc aac ctg ggt tgt gcc atg ggc cac ccc agc Ala Glu Gly Arg Leu Val Asn Leu Gly Cys Ala Met Gly His Pro Ser 340 345 350 355			1112
ttc gtg atg agt aac tcc ttc acc aac cag gtg atg gcg cag atc gag Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Thr Asn Gln Val Met Ala Gln Ile Glu 360 365 370			1160

ctg tgg acc cat cca gac aag tac ccc gtt ggg gtt cat ttc ctg ccc 1208
 Leu Trp Thr His Pro Asp Lys Tyr Pro Val Gly Val His Phe Leu Pro
 375 380 385

 aag aag ctg gat gag gca gtg gct gaa gcc cac ctg ggc aag ctg aat 1256
 Lys Lys Leu Asp Glu Ala Val Ala Glu Ala His Leu Gly Lys Leu Asn
 390 395 400

 gtg aag ttg acc aag cta act gag aag caa gcc cag tac ctg ggc atg 1304
 Val Lys Leu Thr Lys Leu Thr Glu Lys Gln Ala Gln Tyr Leu Gly Met
 405 410 415

 tcc tgt gat ggc ccc ttc aag ccg gat cac tac cgc tac tga 1346
 Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr
 420 425 430

 gagccaggtc tgcgtttcac cctccagctg ctgtccttgc ccaggcccca cctctcctcc 1406
 ctaagagcta atggcaccaa ctttgtgact ggtttgtcag tgtcccccat cgactctctg 1466
 gggctgatca cttagttttt ggctcttgct gcagccgtca tactgttcca aatgtggcag 1526
 cggaacaga gtacctctt caagccccgg tcatgatgga ggtcccagcc acaggaacc 1586
 atgagctcag tggctcttga acagctcact aagtcagtcc ttccttagcc tggaagccag 1646
 tagtggagtc acaaagccca tgtgttttgc catctaggcc ttcacctggt ctgtggactt 1706
 atacctgtgt gcttggttta caggtccagt ggttcttcag cccatgacag atgagaaggg 1766
 gctatattga agggcaaaga ggaactgttg tttgaatttt cctgagagcc tggcttagtg 1826
 ctgggccttc tcttaaacct cattacaatg aggttagtac ttttagtccc tgttttacag 1886
 gggttagaat agactgttaa ggggcaactg agaaagaaca gagaagtgac agctaggggt 1946
 tgagaggggc cagaaaaaca tgaatgcagg cagatttcgt gaaatctgcc accactttat 2006
 aaccagatgg ttcctttcac aaccctgggt caaaaagaga ataatttggc ctataatgtt 2066
 aaaagaaagc aggaaggtgg gtaaataaaa atcttgggtgc ctgg 2110

<210> 32
 <211> 432
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 32

Met Ser Asp Lys Leu Pro Tyr Lys Val Ala Asp Ile Gly Leu Ala Ala
 1 5 10 15

Trp Gly Arg Lys Ala Leu Asp Ile Ala Glu Asn Glu Met Pro Gly Leu
 20 25 30

Met Arg Met Arg Glu Arg Tyr Ser Ala Ser Lys Pro Leu Lys Gly Ala
 35 40 45

Arg Ile Ala Gly Cys Leu His Met Thr Val Glu Thr Ala Val Leu Ile
 50 55 60

Glu Thr Leu Val Thr Leu Gly Ala Glu Val Gln Trp Ser Ser Cys Asn
 65 70 75 80

Ile Phe Ser Thr Gln Asp His Ala Ala Ala Ile Ala Lys Ala Gly
 85 90 95

Ile Pro Val Tyr Ala Trp Lys Gly Glu Thr Asp Glu Glu Tyr Leu Trp
 100 105 110

Cys Ile Glu Gln Thr Leu Tyr Phe Lys Asp Gly Pro Leu Asn Met Ile
 115 120 125

Leu Asp Asp Gly Gly Asp Leu Thr Asn Leu Ile His Thr Lys Tyr Pro
 130 135 140

Gln Leu Leu Pro Gly Ile Arg Gly Ile Ser Glu Glu Thr Thr Thr Gly
 145 150 155 160

Val His Asn Leu Tyr Lys Met Met Ala Asn Gly Ile Leu Lys Val Pro
 165 170 175

Ala Ile Asn Val Asn Asp Ser Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Leu
 180 185 190

Tyr Gly Cys Arg Glu Ser Leu Ile Asp Gly Ile Lys Arg Ala Thr Asp
 195 200 205

Val Met Ile Ala Gly Lys Val Ala Val Val Ala Gly Tyr Gly Asp Val
 210 215 220

Gly Lys Gly Cys Ala Gln Ala Leu Arg Gly Phe Gly Ala Arg Val Ile
 225 230 235 240

Ile Thr Glu Ile Asp Pro Ile Asn Ala Leu Gln Ala Ala Met Glu Gly
 245 250 255

Tyr Glu Val Thr Thr Met Asp Glu Ala Cys Gln Glu Gly Asn Ile Phe
 260 265 270

Val Thr Thr Thr Gly Cys Ile Asp Ile Ile Leu Gly Arg His Phe Glu
 275 280 285

Gln Met Lys Asp Asp Ala Ile Val Cys Asn Ile Gly His Phe Asp Val
 290 295 300

Glu Ile Asp Val Lys Trp Leu Asn Glu Asn Ala Val Glu Lys Val Asn
 305 310 315 320

Ile Lys Pro Gln Val Asp Arg Tyr Arg Leu Lys Asn Gly Arg Arg Ile
 325 330 335

Ile Leu Leu Ala Glu Gly Arg Leu Val Asn Leu Gly Cys Ala Met Gly
 340 345 350

His Pro Ser Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Thr Asn Gln Val Met Ala
 355 360 365

Gln Ile Glu Leu Trp Thr His Pro Asp Lys Tyr Pro Val Gly Val His
 370 375 380

Phe Leu Pro Lys Lys Leu Asp Glu Ala Val Ala Glu Ala His Leu Gly
 385 390 395 400

Lys Leu Asn Val Lys Leu Thr Lys Leu Thr Glu Lys Gln Ala Gln Tyr
 405 410 415

Leu Gly Met Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr
 420 425 430

<210> 33
 <211> 1698
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (191)..(1309)
 <223>

<400> 33
 cccggccctc cctgcacggc ctcccggtgcg cccctgtcag actgtggcgg ccggtcgcgc 60
 ggtgcgctct ccctccctgc ccgcagcctg gagaggcgct tcgtgctgca ccccccgcg 120
 ttcttgccgg caccgcgcct gccctctgcc gcgtccgcc ctgccgcga ccgcacgcc 180
 gccgcgggac atg gca cac gca ccg gca cgc tgc ccc agc gcc cgg ggc 229
 Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly
 1 5 10
 tcc ggg gac ggc gag atg ggc aag ccc agg aac gtg gcg ctc atc acc 277
 Ser Gly Asp Gly Glu Met Gly Lys Pro Arg Asn Val Ala Leu Ile Thr
 15 20 25
 ggt atc aca ggc cag gat ggt tcc tac ctg gct gag ttc ctg ctg gag 325
 Gly Ile Thr Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu
 30 35 40 45
 aaa ggc tat gag gtc cat gga att gta cgg cgg tcc agt tca ttt aat 373
 Lys Gly Tyr Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn
 50 55 60
 acg ggt cga att gag cat ctg tat aag aat ccc cag gct cac att gaa 421
 Thr Gly Arg Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu
 65 70 75
 gga aac atg aag ttg cac tat ggc gat ctc act gac agt acc tgc ctt 469
 Gly Asn Met Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu
 80 85 90
 gtg aag atc att aat gaa gta aag ccc aca gag atc tac aac ctt gga 517
 93/201

Val	Lys	Ile	Ile	Asn	Glu	Val	Lys	Pro	Thr	Glu	Ile	Tyr	Asn	Leu	Gly		
95						100					105						
gcc	cag	agc	cac	gtc	aaa	att	tcc	ttt	gac	ctc	gct	gag	tac	act	gcg	565	
Ala	Gln	Ser	His	Val	Lys	Ile	Ser	Phe	Asp	Leu	Ala	Glu	Tyr	Thr	Ala		
110					115					120					125		
gac	gtt	gac	gga	gtt	ggc	act	cta	cga	ctt	cta	gat	gca	gtt	aag	act	613	
Asp	Val	Asp	Gly	Val	Gly	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	Asp	Ala	Val	Lys	Thr		
				130					135					140			
tgt	ggc	ctt	atc	aac	tct	gtg	aag	ttc	tac	caa	gcc	tca	aca	agt	gaa	661	
Cys	Gly	Leu	Ile	Asn	Ser	Val	Lys	Phe	Tyr	Gln	Ala	Ser	Thr	Ser	Glu		
			145					150					155				
ctt	tat	ggg	aaa	gtg	cag	gaa	ata	ccc	cag	aag	gag	acc	acc	cct	ttc	709	
Leu	Tyr	Gly	Lys	Val	Gln	Glu	Ile	Pro	Gln	Lys	Glu	Thr	Thr	Pro	Phe		
		160					165						170				
tat	ccc	cgg	tca	ccc	tat	ggg	gca	gca	aaa	ctc	tat	gcc	tat	tgg	att	757	
Tyr	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	Gly	Ala	Ala	Lys	Leu	Tyr	Ala	Tyr	Trp	Ile		
	175					180					185						
gtg	gtg	aac	ttc	cgt	gag	gcg	tat	aat	ctc	ttt	gca	gtg	aac	ggc	att	805	
Val	Val	Asn	Phe	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asn	Leu	Phe	Ala	Val	Asn	Gly	Ile		
190					195					200					205		
ctc	ttc	aat	cat	gag	agt	ccc	aga	aga	gga	gct	aat	ttc	gtt	act	cga	853	
Leu	Phe	Asn	His	Glu	Ser	Pro	Arg	Arg	Gly	Ala	Asn	Phe	Val	Thr	Arg		
				210					215					220			
aaa	att	agc	cgg	tca	gta	gct	aag	att	tac	ctt	gga	caa	ctg	gaa	tgt	901	
Lys	Ile	Ser	Arg	Ser	Val	Ala	Lys	Ile	Tyr	Leu	Gly	Gln	Leu	Glu	Cys		
			225					230					235				
ttc	agt	ttg	gga	aat	ctg	gat	gcc	aaa	cga	gat	tgg	ggc	cat	gcc	aag	949	
Phe	Ser	Leu	Gly	Asn	Leu	Asp	Ala	Lys	Arg	Asp	Trp	Gly	His	Ala	Lys		
		240					245					250					
gac	tat	gtg	gag	gct	atg	tgg	ttg	atg	ttg	cag	aat	gat	gag	ccg	gag	997	
Asp	Tyr	Val	Glu	Ala	Met	Trp	Leu	Met	Leu	Gln	Asn	Asp	Glu	Pro	Glu		
	255					260				265							
gac	ttc	gtt	ata	gct	act	ggg	gag	gtc	cat	agt	gtc	cgg	gaa	ttt	gtc	1045	
Asp	Phe	Val	Ile	Ala	Thr	Gly	Glu	Val	His	Ser	Val	Arg	Glu	Phe	Val		
270					275				280						285		
gag	aaa	tca	ttc	ttg	cac	att	gga	aaa	acc	att	gtg	tgg	gaa	gga	aag	1093	
Glu	Lys	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Gly	Lys	Thr	Ile	Val	Trp	Glu	Gly	Lys		
				290					295					300			

aat gaa aat gaa gtg ggc aga tgt aaa gag acc ggc aaa gtt cac gtg 1141
 Asn Glu Asn Glu Val Gly Arg Cys Lys Glu Thr Gly Lys Val His Val
 305 310 315
 act gtg gat ctc aag tac tac cgg cca act gaa gtg gac ttt ctg cag 1189
 Thr Val Asp Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln
 320 325 330
 ggc gac tgc acc aaa gcg aaa cag aag ctg aac tgg aag ccc cgg gtc 1237
 Gly Asp Cys Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Trp Lys Pro Arg Val
 335 340 345
 gct ttc gat gag ctg gtg agg gag atg gtg cac gcc gac gtg gag ctc 1285
 Ala Phe Asp Glu Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu
 350 355 360 365
 atg agg aca aac ccc aat gcc tga gcagcgcctc ggagcccggc ccgccctcgc 1339
 Met Arg Thr Asn Pro Asn Ala
 370
 gctacaatcc ccgcagagtc tccggtgcag acgcgctgcg gggatgggga gcggcgtgcc 1399
 aatctgcggg tcccctgcgg cccctgctgc cgctgcgctg tcccggccgc aagagcgggg 1459
 ccgccccgcc gaggtttgta gcagccggga tgtgaccctc cagggtttgg gtcgctttgc 1519
 gtttgtcgaa gcctcctctg aatggctttg tgaaatcaag atgttttaac cacattcact 1579
 ttacttgaaa ttatgttggt acacaacaaa ttgtggggcc ttcaaattgt ttttctcttt 1639
 tcataataaa aatggtcttt ctgtgaacta gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1698

<210> 34
 <211> 372
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 34

Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly Ser Gly Asp
 1 5 10 15

Gly Glu Met Gly Lys Pro Arg Asn Val Ala Leu Ile Thr Gly Ile Thr
 20 25 30

Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu Lys Gly Tyr
 95/201

35

40

45

Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn Thr Gly Arg
 50 55 60

Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu Gly Asn Met
 65 70 75 80

Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu Val Lys Ile
 85 90 95

Ile Asn Glu Val Lys Pro Thr Glu Ile Tyr Asn Leu Gly Ala Gln Ser
 100 105 110

His Val Lys Ile Ser Phe Asp Leu Ala Glu Tyr Thr Ala Asp Val Asp
 115 120 125

Gly Val Gly Thr Leu Arg Leu Leu Asp Ala Val Lys Thr Cys Gly Leu
 130 135 140

Ile Asn Ser Val Lys Phe Tyr Gln Ala Ser Thr Ser Glu Leu Tyr Gly
 145 150 155 160

Lys Val Gln Glu Ile Pro Gln Lys Glu Thr Thr Pro Phe Tyr Pro Arg
 165 170 175

Ser Pro Tyr Gly Ala Ala Lys Leu Tyr Ala Tyr Trp Ile Val Val Asn
 180 185 190

Phe Arg Glu Ala Tyr Asn Leu Phe Ala Val Asn Gly Ile Leu Phe Asn
 195 200 205

His Glu Ser Pro Arg Arg Gly Ala Asn Phe Val Thr Arg Lys Ile Ser
 210 215 220

Arg Ser Val Ala Lys Ile Tyr Leu Gly Gln Leu Glu Cys Phe Ser Leu
 225 230 235 240

Gly Asn Leu Asp Ala Lys Arg Asp Trp Gly His Ala Lys Asp Tyr Val
245 250 255

Glu Ala Met Trp Leu Met Leu Gln Asn Asp Glu Pro Glu Asp Phe Val
260 265 270

Ile Ala Thr Gly Glu Val His Ser Val Arg Glu Phe Val Glu Lys Ser
275 280 285

Phe Leu His Ile Gly Lys Thr Ile Val Trp Glu Gly Lys Asn Glu Asn
290 295 300

Glu Val Gly Arg Cys Lys Glu Thr Gly Lys Val His Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln Gly Asp Cys
325 330 335

Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Trp Lys Pro Arg Val Ala Phe Asp
340 345 350

Glu Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu Met Arg Thr
355 360 365

Asn Pro Asn Ala
370

$\langle 210 \rangle$	35
$\langle 211 \rangle$	2963
$\langle 212 \rangle$	DNA
$\langle 213 \rangle$	Homo sapiens

```
<220>
<221> CDS
<222> (26)..(2317)
<223>
```

<400> 35
ccactgctgt cctcttcagc tcaag atg gtg gcc tgc cgg gcg att ggc atc
Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile
97/201

98/201

ctg act ggt aga agc att cgt gca gac agg gca aag aaa atg gga ctg Leu Thr Gly Arg Ser Ile Arg Ala Asp Arg Ala Lys Lys Met Gly Leu 205 210 215	676
gtt gac caa ctg gtg gaa ccc ctg gga cca gga cta aaa cct cca gag Val Asp Gln Leu Val Glu Pro Leu Gly Pro Gly Leu Lys Pro Pro Glu 220 225 230	724
gaa cgg aca ata gaa tac cta gaa gaa gtt gca att act ttt gcc aaa Glu Arg Thr Ile Glu Tyr Leu Glu Glu Val Ala Ile Thr Phe Ala Lys 235 240 245	772
gga cta gct gat aag aag atc tct cca aag aga gac aag gga ttg gtg Gly Leu Ala Asp Lys Lys Ile Ser Pro Lys Arg Asp Lys Gly Leu Val 250 255 260 265	820
gaa aaa ttg aca gcg tat gcc atg act att cca ttt gtc agg caa cag Glu Lys Leu Thr Ala Tyr Ala Met Thr Ile Pro Phe Val Arg Gln Gln 270 275 280	868
gtt tac aaa aaa gtg gaa gaa aaa gtg cga aag cag act aaa ggc ctt Val Tyr Lys Lys Val Glu Glu Lys Val Arg Lys Gln Thr Lys Gly Leu 285 290 295	916
tat cct gca cct ctg aaa ata att gat gtg gta aag act gga att gag Tyr Pro Ala Pro Leu Lys Ile Ile Asp Val Val Lys Thr Gly Ile Glu 300 305 310	964
caa ggg agt gat gcc ggt tat ctc tgt gaa tct cag aaa ttt gga gag Gln Gly Ser Asp Ala Gly Tyr Leu Cys Glu Ser Gln Lys Phe Gly Glu 315 320 325	1012
ctt gta atg acc aaa gaa tca aag gcc ttg atg gga ctc tac cat ggt Leu Val Met Thr Lys Glu Ser Lys Ala Leu Met Gly Leu Tyr His Gly 330 335 340 345	1060
cag gtc ctg tgc aag aag aat aaa ttt gga gct cca cag aag gat gtt Gln Val Leu Cys Lys Lys Asn Lys Phe Gly Ala Pro Gln Lys Asp Val 350 355 360	1108
aag cat ctg gct att ctt ggt gca ggg ctg atg gga gca ggc atc gcc Lys His Leu Ala Ile Leu Gly Ala Gly Leu Met Gly Ala Gly Ile Ala 365 370 375	1156
caa gtc tcc gtg gat aag ggg cta aag act ata ctt aaa gat gcc acc Gln Val Ser Val Asp Lys Gly Leu Lys Thr Ile Leu Lys Asp Ala Thr 380 385 390	1204
ctc act gcg cta gac cga gga cag caa caa gtg ttc aaa gga ttg aat Leu Thr Ala Leu Asp Arg Gly Gln Gln Gln Val Phe Lys Gly Leu Asn 99/201	1252

395	400	405	
gac aaa gtg aag aag aaa gct cta aca tca ttt gaa agg gat tcc atc Asp Lys Val Lys Lys Lys Ala Leu Thr Ser Phe Glu Arg Asp Ser Ile 410 415 420 425			1300
ttc agc aac ttg act ggg cag ctt gat tac caa ggt ttt gaa aag gcc Phe Ser Asn Leu Thr Gly Gln Leu Asp Tyr Gln Gly Phe Glu Lys Ala 430 435 440			1348
gac atg gtg att gaa gct gtg ttt gag gac ctt agt ctt aag cac aga Asp Met Val Ile Glu Ala Val Phe Glu Asp Leu Ser Leu Lys His Arg 445 450 455			1396
gtg cta aag gaa gta gaa gcg gtg att cca gat cac tgt atc ttt gcc Val Leu Lys Glu Val Glu Ala Val Ile Pro Asp His Cys Ile Phe Ala 460 465 470			1444
agt aac aca tct gct ctc cca atc agt gaa atc gct gct gtc agc aaa Ser Asn Thr Ser Ala Leu Pro Ile Ser Glu Ile Ala Ala Val Ser Lys 475 480 485			1492
aga cct gag aag gtg att ggc atg cac tac ttc tct ccc gtg gac aag Arg Pro Glu Lys Val Ile Gly Met His Tyr Phe Ser Pro Val Asp Lys 490 495 500 505			1540
atg cag ctg ctg gag att atc acg acc gag aaa act tcc aaa gac acc Met Gln Leu Leu Glu Ile Ile Thr Thr Glu Lys Thr Ser Lys Asp Thr 510 515 520			1588
agt gct tca gct gta gca gtt ggt ctc aag cag ggg aag gtc atc att Ser Ala Ser Ala Val Ala Val Gly Leu Lys Gln Gly Lys Val Ile Ile 525 530 535			1636
gtg gtt aag gat gga cct ggc ttc tat act acc agg tgt ctt gcg ccc Val Val Lys Asp Gly Pro Gly Phe Tyr Thr Thr Arg Cys Leu Ala Pro 540 545 550			1684
atg atg tct gaa gtc atc cga atc ctc cag gaa gga gtt gac ccg aag Met Met Ser Glu Val Ile Arg Ile Leu Gln Glu Gly Val Asp Pro Lys 555 560 565			1732
aag ctg gat tcc ctg acc aca agc ttt ggc ttt cct gtg ggt gcc gcc Lys Leu Asp Ser Leu Thr Thr Ser Phe Gly Phe Pro Val Gly Ala Ala 570 575 580 585			1780
aca ctg gtg gat gaa gtt ggt gtg gat gta gcg aaa cat gtg gcg gaa Thr Leu Val Asp Glu Val Gly Val Asp Val Ala Lys His Val Ala Glu 590 595 600			1828

gat ctg ggc aaa gtc ttt ggg gag cgg ttt gga ggt gga aac cca gaa Asp Leu Gly Lys Val Phe Gly Glu Arg Phe Gly Gly Gly Asn Pro Glu 605 610 615	1876
ctg ctg aca cag atg gtg tcc aag ggc ttc cta ggt cgt aaa tct ggg Leu Leu Thr Gln Met Val Ser Lys Gly Phe Leu Gly Arg Lys Ser Gly 620 625 630	1924
aag ggc ttt tac atc tat cag gag ggt gtg aag agg aag gat ttg aat Lys Gly Phe Tyr Ile Tyr Gln Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp Leu Asn 635 640 645	1972
tct gac atg gat agt att tta gcg agt ctg aag ctg cct cct aag tct Ser Asp Met Asp Ser Ile Leu Ala Ser Leu Lys Leu Pro Pro Lys Ser 650 655 660 665	2020
gaa gtc tca tca gac gaa gac atc cag ttc cgc ctg gtg aca aga ttt Glu Val Ser Ser Asp Glu Asp Ile Gln Phe Arg Leu Val Thr Arg Phe 670 675 680	2068
gtg aat gag gca gtc atg tgc ctg caa gag ggg atc ttg gcc aca cct Val Asn Glu Ala Val Met Cys Leu Gln Glu Gly Ile Leu Ala Thr Pro 685 690 695	2116
gca gag gga gac atc gga gcc gtc ttt ggg ctt ggc ttc ccg cct tgt Ala Glu Gly Asp Ile Gly Ala Val Phe Gly Leu Gly Phe Pro Pro Cys 700 705 710	2164
ctg gga ggg cct ttc cgc ttt gtg gat ctg tat ggc gcc cag aag ata Leu Gly Gly Pro Phe Arg Phe Val Asp Leu Tyr Gly Ala Gln Lys Ile 715 720 725	2212
gtg gac cgg ctc aag aaa tat gaa gct gcc tat gga aaa cag ttc acc Val Asp Arg Leu Lys Lys Tyr Glu Ala Ala Tyr Gly Lys Gln Phe Thr 730 735 740 745	2260
cca tgc cag ctg cta gct gac cat gct aac agc cct aac aag aag ttc Pro Cys Gln Leu Leu Ala Asp His Ala Asn Ser Pro Asn Lys Lys Phe 750 755 760	2308
tac cag tga gcaggcctca tgcctcgctc agtcagtgc ctaaccccag Tyr Gln	2357
ctgccggcag tgctggttct ccaacagagt ggtgtctaga tttatcagag taacgagaag	2417
acaaactccg gcactgggtt tgctccctga ttaaagtgcc ttcagccaag accatctctc	2477
cctcctgggtg aagtgtgact tcgaattagt ttgcacttcc tattggaagg tagagcccac	2537

tgctcattgt ataagccccg aggcctagag tggcagccaa gagccatctg aagccacctc 2597
 tctgcctgtt cctcccaaga ggccagggtg gccaggggtg gtgagggcag ttctgcaccc 2657
 agccaaacac ataacaataa aaaccaaact ctgtgtcagc atctttgccc ttctggttta 2717
 aacgcctcct tcaaaaagca atctggaaga aagccctgtg ctttggggga gtaagaatgt 2777
 gtgtgcagaa ttctaggcag caccttaggg agggactggg atgagagaaa gtgggacctg 2837
 gtgggctcaa ccacacacac ctgtctgtgc agatgctttg cccaggcttc tcaccacggt 2897
 gtaccgggat attaaacctc tttcccagc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2957
 aaaaaa 2963

<210> 36
 <211> 763
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 36

Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile Leu Ser Arg Phe Ser Ala Phe
 1 5 10 15

Arg Ile Leu Arg Ser Arg Gly Tyr Ile Cys Arg Asn Phe Thr Gly Ser
 20 25 30

Ser Ala Leu Leu Thr Arg Thr His Ile Asn Tyr Gly Val Lys Gly Asp
 35 40 45

Val Ala Val Val Arg Ile Asn Ser Pro Asn Ser Lys Val Asn Thr Leu
 50 55 60

Ser Lys Glu Leu His Ser Glu Phe Ser Glu Val Met Asn Glu Ile Trp
 65 70 75 80

Ala Ser Asp Gln Ile Arg Ser Ala Val Leu Ile Ser Ser Lys Pro Gly
 85 90 95

Cys Phe Ile Ala Gly Ala Asp Ile Asn Met Leu Ala Ala Cys Lys Thr
 100 105 110

Leu Gln Glu Val Thr Gln Leu Ser Gln Glu Ala Gln Arg Ile Val Glu
 115 120 125

Lys Leu Glu Lys Ser Thr Lys Pro Ile Val Ala Ala Ile Asn Gly Ser
 130 135 140

Cys Leu Gly Gly Gly Leu Glu Val Ala Ile Ser Cys Gln Tyr Arg Ile
 145 150 155 160

Ala Thr Lys Asp Arg Lys Thr Val Leu Gly Thr Pro Glu Val Leu Leu
 165 170 175

Gly Ala Leu Pro Gly Ala Gly Gly Thr Gln Arg Leu Pro Lys Met Val
 180 185 190

Gly Val Pro Ala Ala Leu Asp Met Met Leu Thr Gly Arg Ser Ile Arg
 195 200 205

Ala Asp Arg Ala Lys Lys Met Gly Leu Val Asp Gln Leu Val Glu Pro
 210 215 220

Leu Gly Pro Gly Leu Lys Pro Pro Glu Glu Arg Thr Ile Glu Tyr Leu
 225 230 235 240

Glu Glu Val Ala Ile Thr Phe Ala Lys Gly Leu Ala Asp Lys Lys Ile
 245 250 255

Ser Pro Lys Arg Asp Lys Gly Leu Val Glu Lys Leu Thr Ala Tyr Ala
 260 265 270

Met Thr Ile Pro Phe Val Arg Gln Gln Val Tyr Lys Lys Val Glu Glu
 275 280 285

Lys Val Arg Lys Gln Thr Lys Gly Leu Tyr Pro Ala Pro Leu Lys Ile
 290 295 300

Ile Asp Val Val Lys Thr Gly Ile Glu Gln Gly Ser Asp Ala Gly Tyr
 305 310 315 320

Leu Cys Glu Ser Gln Lys Phe Gly Glu Leu Val Met Thr Lys Glu Ser
 325 330 335

Lys Ala Leu Met Gly Leu Tyr His Gly Gln Val Leu Cys Lys Lys Asn
 340 345 350

Lys Phe Gly Ala Pro Gln Lys Asp Val Lys His Leu Ala Ile Leu Gly
 355 360 365

Ala Gly Leu Met Gly Ala Gly Ile Ala Gln Val Ser Val Asp Lys Gly
 370 375 380

Leu Lys Thr Ile Leu Lys Asp Ala Thr Leu Thr Ala Leu Asp Arg Gly
 385 390 395 400

Gln Gln Gln Val Phe Lys Gly Leu Asn Asp Lys Val Lys Lys Lys Ala
 405 410 415

Leu Thr Ser Phe Glu Arg Asp Ser Ile Phe Ser Asn Leu Thr Gly Gln
 420 425 430

Leu Asp Tyr Gln Gly Phe Glu Lys Ala Asp Met Val Ile Glu Ala Val
 435 440 445

Phe Glu Asp Leu Ser Leu Lys His Arg Val Leu Lys Glu Val Glu Ala
 450 455 460

Val Ile Pro Asp His Cys Ile Phe Ala Ser Asn Thr Ser Ala Leu Pro
 465 470 475 480

Ile Ser Glu Ile Ala Ala Val Ser Lys Arg Pro Glu Lys Val Ile Gly
 485 490 495

Met His Tyr Phe Ser Pro Val Asp Lys Met Gln Leu Leu Glu Ile Ile
 500 505 510

Thr Thr Glu Lys Thr Ser Lys Asp Thr Ser Ala Ser Ala Val Ala Val
 515 520 525

Gly Leu Lys Gln Gly Lys Val Ile Ile Val Val Lys Asp Gly Pro Gly
 530 535 540

Phe Tyr Thr Thr Arg Cys Leu Ala Pro Met Met Ser Glu Val Ile Arg
 545 550 555 560

Ile Leu Gln Glu Gly Val Asp Pro Lys Lys Leu Asp Ser Leu Thr Thr
 565 570 575

Ser Phe Gly Phe Pro Val Gly Ala Ala Thr Leu Val Asp Glu Val Gly
 580 585 590

Val Asp Val Ala Lys His Val Ala Glu Asp Leu Gly Lys Val Phe Gly
 595 600 605

Glu Arg Phe Gly Gly Gly Asn Pro Glu Leu Leu Thr Gln Met Val Ser
 610 615 620

Lys Gly Phe Leu Gly Arg Lys Ser Gly Lys Gly Phe Tyr Ile Tyr Gln
 625 630 635 640

Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp Leu Asn Ser Asp Met Asp Ser Ile Leu
 645 650 655

Ala Ser Leu Lys Leu Pro Pro Lys Ser Glu Val Ser Ser Asp Glu Asp
 660 665 670

Ile Gln Phe Arg Leu Val Thr Arg Phe Val Asn Glu Ala Val Met Cys
 675 680 685

Leu Gln Glu Gly Ile Leu Ala Thr Pro Ala Glu Gly Asp Ile Gly Ala
 690 695 700

Val Phe Gly Leu Gly Phe Pro Pro Cys Leu Gly Gly Pro Phe Arg Phe
705 710 715 720

Val Asp Leu Tyr Gly Ala Gln Lys Ile Val Asp Arg Leu Lys Lys Tyr
725 730 735

Glu Ala Ala Tyr Gly Lys Gln Phe Thr Pro Cys Gln Leu Leu Ala Asp
740 745 750

His Ala Asn Ser Pro Asn Lys Lys Phe Tyr Gln
755 760

<210> 37
<211> 2438
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (45).. (1571)
<223>

<400> 37
cccggcggcg ccaaccgaag cgccccgcct gatccgtgtc cgac atg ctg cgc cgc 56
Met Leu Arg Arg
1

gct ctg ctg tgc ctg gcc gtg gcc gcc ctg gtg cgc gcc gac gcc ccc 104
Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Ala Asp Ala Pro
5 10 15 20

gag gag gag gac cac gtc ctg gtg ctg cgg aaa agc aac ttc gcg gag 152
Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala Glu
25 30 35

gcg ctg gcg gcc cac aag tac ctg ctg gtg gag ttc tat gcc cct tgg 200
Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp
40 45 50

tgt ggc cac tgc aag gct ctg gcc cct gag tat gcc aaa gcc gct ggg 248
Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala Gly
55 60 65

aag ctg aag gca gaa ggt tcc gag atc agg ttg gcc aag gtg gac gcc 296
Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp Ala
70 75 80

acg gag gag tct gac ctg gcc cag cag tac ggc gtg cgc ggc tat ccc	344
Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val Arg Gly Tyr Pro	
85 90 95 100	
acc atc aag ttc ttc agg aat gga gac acg gct tcc ccc aag gaa tat	392
Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu Tyr	
105 110 115	
aca gct ggc aga gag gct gat gac atc gtg aac tgg ctg aag aag cgc	440
Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys Arg	
120 125 130	
acg ggc cgc gct gcc acc acc ctg cct gac ggc gca gct gca gag tcc	488
Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu Ser	
135 140 145	
ttg gtg gag tcc agc gag gtg gct gtc atc ggc ttc ttc aag gac gtg	536
Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp Val	
150 155 160	
gag tcg gac tct gcc aag cag ttt ttg cag gca gca gag gcc atc gat	584
Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala Glu Ala Ile Asp	
165 170 175 180	
gac ata cca ttt ggg atc act tcc aac agt gac gtg ttc tcc aaa tac	632
Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys Tyr	
185 190 195	
cag ctc gac aaa gat ggg gtt gtc ctc ttt aag aag ttt gat gaa ggc	680
Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu Gly	
200 205 210	
cgg aac aac ttt gaa ggg gag gtc acc aag gag aac ctg ctg gac ttt	728
Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp Phe	
215 220 225	
atc aaa cac aac cag ctg ccc ctt gtc atc gag ttc acc gag cag aca	776
Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Gln Thr	
230 235 240	
gcc ccg aag att ttt gga ggt gaa atc aag act cac atc ctg ctg ttc	824
Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu Phe	
245 250 255 260	
ttg ccc aag agt gtg tct gac tat gac ggc aaa ctg agc aac ttc aaa	872
Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe Lys	
265 270 275	
aca gca gcc gag agc ttc aag ggc aag atc ctg ttc atc ttc atc gac	920
107/201	

Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile Asp	
280	285 290
agc gac cac acc gac aac cag cgc atc ctc gag ttc ttt ggc ctg aag	968
Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe Phe Gly Leu Lys	
295	300 305
aag gaa gag tgc ccg gcc gtg cgc ctc atc acc ctg gag gag gag atg	1016
Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu Glu Glu Met	
310	315 320
acc aag tac aag ccc gaa tcg gag gag ctg acg gca gag agg atc aca	1064
Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu Arg Ile Thr	
325	330 335 340
gag ttc tgc cac cgc ttc ctg gag ggc aaa atc aag ccc cac ctg atg	1112
Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro His Leu Met	
	345 350 355
agc cag gag ctg ccg gag gac tgg gac aag cag cct gtc aag gtg ctt	1160
Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro Val Lys Val Leu	
	360 365 370
gtt ggg aag aac ttt gaa gac gtg gct ttt gat gag aaa aaa aac gtc	1208
Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys Lys Asn Val	
	375 380 385
ttt gtg gag ttc tat gcc cca tgg tgt ggt cac tgc aaa cag ttg gct	1256
Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu Ala	
	390 395 400
ccc att tgg gat aaa ctg gga gag acg tac aag gac cat gag aac atc	1304
Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp His Glu Asn Ile	
405	410 415 420
gtc atc gcc aag atg gac tcg act gcc aac gag gtg gag gcc gtc aaa	1352
Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu Ala Val Lys	
	425 430 435
gtg cac agc ttc ccc aca ctc aag ttc ttt cct gcc agt gcc gac agg	1400
Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser Ala Asp Arg	
	440 445 450
acg gtc att gat tac aac ggg gaa cgc acg ctg gat ggt ttt aag aaa	1448
Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly Phe Lys Lys	
	455 460 465
ttc ctg gag agc ggt ggc cag gat ggg gca ggg gat gat gac gat ctc	1496
Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp Asp Asp Asp Leu	
	470 475 480

gag gac ctg gaa gaa gca gag gag cca gac atg gag gaa gac gat gat 1544
 Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu Asp Asp Asp
 485 490 495 500
 cag aaa gct gtg aaa gat gaa ctg taa tacgcaaagc cagaccggg 1591
 Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
 505
 cgctgccgag acccctcggg ggctgcacac ccagcagcag cgcacgcctc cgaagcctgc 1651
 ggctcgcctt gaaggagggc gtcgccgga acccaggga cctctctgaa gtgacacctc 1711
 acccctacac accgtccgtt caccctcgtc tcttccttct gcttttcggg ttttgaaag 1771
 ggatccatct ccaggcagcc caccctgggtg gggcttggtt cctgaaacca tgatgtactt 1831
 tttcatacat gagtctgtcc agagtgttg ctaccgtgtt cggagtctcg ctgcctccct 1891
 cccgcgggag gtttctcctc tttttgaaaa ttccgtctgt gggattttta gacatttttc 1951
 gacatcaggg tatttggttc accttgcca ggctcctcgc gagaagcttg tccccctgt 2011
 gggagggagc gagccggact ggacatggtc actcagtacc gcctgcagtg tcgccatgac 2071
 tgatcatggc tcttgcatit ttgggtaaat ggagacttcc ggatcctgtc aggggtgtccc 2131
 ccatgcctgg aagaggagct ggtggctgcc agccctgggg cccggcacag gcctgggcct 2191
 tccccctccc tcaagccagg gtcctcctc ctgtcgtggg ctcatgtga ccaactggcct 2251
 ctctacagca cggcctgtgg cctgttcaag gcagaaccac gacccttgac tcccgggtgg 2311
 ggaggtggcc aaggatgctg gagctgaatc agacgtgac agttcttcag gcatttctat 2371
 ttcacaatcg aattgaacac attggccaaa taaagttgaa attttaccac caaaaaaaaa 2431
 aaaaaaa 2438

<210> 38
 <211> 508
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 38

Met Leu Arg Arg Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Ala Leu Val Arg
 1 5 10 15

Ala Asp Ala Pro Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser
 20 25 30

Asn Phe Ala Glu Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe
 35 40 45

Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala
 50 55 60

Lys Ala Ala Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala
 65 70 75 80

Lys Val Asp Ala Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val
 85 90 95

Arg Gly Tyr Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser
 100 105 110

Pro Lys Glu Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp
 115 120 125

Leu Lys Lys Arg Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala
 130 135 140

Ala Ala Glu Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe
 145 150 155 160

Phe Lys Asp Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala
 165 170 175

Glu Ala Ile Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val
 180 185 190

Phe Ser Lys Tyr Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys
 195 200 205

Phe Asp Glu Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn
 110/201

210	215	220
Leu Leu Asp Phe Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe		
225	230	235 240
Thr Glu Gln Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His		
	245	250 255
Ile Leu Leu Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu		
	260	265 270
Ser Asn Phe Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe		
	275	280 285
Ile Phe Ile Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe		
	290	295 300
Phe Gly Leu Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu		
305	310	315 320
Glu Glu Glu Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala		
	325	330 335
Glu Arg Ile Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys		
	340	345 350
Pro His Leu Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro		
	355	360 365
Val Lys Val Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu		
	370	375 380
Lys Lys Asn Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys		
385	390	395 400
Lys Gln Leu Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp		
	405	410 415

His Glu Asn Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val
 420 425 430

Glu Ala Val Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala
 435 440 445

Ser Ala Asp Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp
 450 455 460

Gly Phe Lys Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp
 465 470 475 480

Asp Asp Asp Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu
 485 490 495

Glu Asp Asp Asp Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
 500 505

<210> 39
 <211> 959
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (120)..(764)
 <223>

<400> 39
 gcagtggagg cggcccaggc ccgccttcgc cagggtgtcg ccgctgtgcc gctagcgggtg 60
 ccccgccctgc tgcgggtggca ccagccagga ggcggagtgg aagtggccgt ggggcgggt 119
 atg gga cta gct ggc gtg tgc gcc ctg aga cgc tca gcg ggc tat ata 167
 Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile
 1 5 10 15
 ctc gtc ggt ggg gcc ggc ggt cag tct gcg gca gcg gca gca aga cgg 215
 Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Ala Arg Arg
 20 25 30
 tgc agt gaa gga gag tgg gcg tct ggc ggg gtc cgc agt ttc agc aga 263
 Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg
 112/201

35	40	45	
gcc gct gca gcc atg gcc cca atc aag gtg gga gat gcc atc cca gca Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala 50 55 60			311
gtg gag gtg ttt gaa ggg gag cca ggg aac aag gtg aac ctg gca gag Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu 65 70 75 80			359
ctg ttc aag ggc aag aag ggt gtg ctg ttt gga gtt cct ggg gcc ttc Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe 85 90 95			407
acc cct gga tgt tcc aag aca cac ctg cca ggg ttt gtg gag cag gct Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala 100 105 110			455
gag gct ctg aag gcc aag gga gtc cag gtg gtg gcc tgt ctg agt gtt Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val 115 120 125			503
aat gat gcc ttt gtg act ggc gag tgg ggc cga gcc cac aag gcg gaa Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu 130 135 140			551
ggc aag gtt cgg ctc ctg gct gat ccc act ggg gcc ttt ggg aag gag Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu 145 150 155 160			599
aca gac tta tta cta gat gat tcg ctg gtg tcc atc ttt ggg aat cga Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg 165 170 175			647
cgt ctc aag agg ttc tcc atg gtg gta cag gat ggc ata gtg aag gcc Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala 180 185 190			695
ctg aat gtg gaa cca gat ggc aca ggc ctc acc tgc agc ctg gca ccc Leu Asn Val Glu Pro Asp Gly Thr Gly Leu Thr Cys Ser Leu Ala Pro 195 200 205			743
aat atc atc tca cag ctc tga ggccctgggc cagattactt cctccacccc Asn Ile Ile Ser Gln Leu 210			794
tccctatctc acctgcccag cctgtgtctg gggccctgca attggaatgt tggccagatt			854
tctgcaataa acacttgttg tttgcggcca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa			914

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

959

<210> 40
 <211> 214
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 40

Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile
 1 5 10 15

Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Arg Arg
 20 25 30

Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg
 35 40 45

Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala
 50 55 60

Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu
 65 70 75 80

Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
 85 90 95

Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
 100 105 110

Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val
 115 120 125

Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
 130 135 140

Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu
 145 150 155 160

Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
 165 170 175

Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala
 180 185 190

Leu Asn Val Glu Pro Asp Gly Thr Gly Leu Thr Cys Ser Leu Ala Pro
 195 200 205

Asn Ile Ile Ser Gln Leu
 210

<210> 41
 <211> 1874
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (7)..(678)
 <223>

<400> 41
 ccggtg atg gcg gct ggt gat ggg gac gtg aag cta ggc acc ctg ggg 48
 Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly
 1 5 10

agt ggc agc gag agc agc aac gac ggc ggc agc gag agt cca ggc gac 96
 Ser Gly Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp
 15 20 25 30

gcg gga gcg gca gcg gaa ggg gga ggc tgg gcg gcg gcg gcg ttg gcg 144
 Ala Gly Ala Ala Ala Glu Gly Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala
 35 40 45

ctt ctg acg ggg ggc ggg gaa atg ctg ctg aac gtg gcg ctg gtg gct 192
 Leu Leu Thr Gly Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala
 50 55 60

ctg gtg ctg ctg ggg gcc tac cgg ctg tgg gtg cgc tgg ggg cgg cgg 240
 Leu Val Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg
 65 70 75

ggt ctg ggg gcc ggg gcc ggg gcg ggc gag gag agc ccc gcc acc tct 288
 Gly Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser
 80 85 90

ctg cct cgc atg aag aag cgg gac ttc agc ttg gag cag ctg cgc cag 336
 Leu Pro Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln
 95 100 105 110

tac gac ggc tcc cgc aac ccg cgc atc ctg ctc gcg gtc aat ggg aaa 384
 Tyr Asp Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys
 115 120 125

gtc ttc gac gtg acc aaa ggc agc aag ttc tac ggc ccg gcg ggt cca 432
 Val Phe Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro
 130 135 140

tat gga ata ttt gct ggt agg gat gcc tcc aga gga ctg gcc aca ttt 480
 Tyr Gly Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe
 145 150 155

tgc cta gat aaa gat gca ctt aga gat gaa tat gat gat ctc tca gat 528
 Cys Leu Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp
 160 165 170

ttg aat gca gta caa atg gag agt gtt cga gaa tgg gaa atg cag ttt 576
 Leu Asn Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe
 175 180 185 190

aaa gaa aaa tat gat tat gta ggc aga ctc cta aaa cca gga gaa gaa 624
 Lys Glu Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu
 195 200 205

cca tca gaa tat aca gat gaa gaa gat acc aag gat cac aat aaa cag 672
 Pro Ser Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln
 210 215 220

gat tga actttgtaaa caaccaaagt caggggcctt cagaactgca attcttactc 728
 Asp

cctttcacag actgtccgga gtctttgggt ttgattcacc tgctgcgaaa aacattcaac 788

aaattgtgta caagataaat taatctcact atgaagattt gaataactag acattattta 848

tgctgccaaa ctcatTTgtt gcagttgttt gtaatgtcta gtggggcttc atcatcctga 908

aaagaaggag acagggattt ttttaaagag caagaaagtc acaatattac ttctttcctt 968

ccttttttcc ttctttcctt tcttctttct ctttctttct ttttaaaata tattgaagac 1028

aaccagatat gtatttgcta ctcaagtgtg cagatctcct caagaaacat caagggactc 1088

ctgtgtcaca tactgtgttt ttattttaac atgggtgagg gaggcgacct gatcagggga 1148

ggtgggggta cacatcaatt tgagttgttc aggctactga aacattaaaa tgtgaattcc 1208
 caaacttttc tttttggctt tgtcaggga aagaaaaata tctttataaa gaaatctttg 1268
 gaaattagga gaaggaatth caggtgggtt taagtcagag ctagttcccc aacagaaaga 1328
 tcatttgaaa ccagttttta tcccttctct ttccttcctt ttccttaa at caaatcaata 1388
 ttaattgtgc cttatttcac ttaacataga cttgaattat ttttagggaa agcccctata 1448
 atgaattcag aaatcactac aagcagcatt aagactgaag ttggaatatt ctgttgacca 1508
 taaaaccttg atatcattct gtgtatatag aatgtaaaag gaatattaca gtgttaactg 1568
 ccatatatgt aatatacaca aactcaatta gcattgtaat ggccaaatgc attcccccat 1628
 gcttttctgt tttcaaaaaa attgaaaaac aaatcaactc ttatccccaa cagctgccta 1688
 attttaggag tctgaccctc cacatctcac tgggtgtgggt gcattggggct gtggagtggg 1748
 tgtcagtatg gatgtgtctg aatgtgtgag gccttggaag ggactctttc tgcagatact 1808
 gtaaatacaa gtaccatttt aataaagcat gtacaataaa ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1868
 aaaaaa 1874

<210> 42
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 42

Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly Ser Gly
 1 5 10 15

Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp Ala Gly
 20 25 30

Ala Ala Ala Glu Gly Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Leu
 35 40 45

Thr Gly Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala Leu Val
 50 55 60

Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg Gly Leu
65 70 75 80

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser Leu Pro
85 90 95

Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln Tyr Asp
100 105 110

Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys Val Phe
115 120 125

Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro Tyr Gly
130 135 140

Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe Cys Leu
145 150 155 160

Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp Leu Asn
165 170 175

Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe Lys Glu
180 185 190

Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu Pro Ser
195 200 205

Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln Asp
210 215 220

<210> 43
<211> 3795
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (236)..(1633)
<223>

[illegible]

	150	155	160	
atg cgg gga ggc tcc atc ctg agc cac atc cac aag cgc cgg cac ttc				766
Met Arg Gly Gly Ser Ile Leu Ser His Ile His Lys Arg Arg His Phe				
	165	170	175	
aac gag ctg gag gcc agc gtg gtg gtg cag gac gtg gcc agc gcc ttg				814
Asn Glu Leu Glu Ala Ser Val Val Val Gln Asp Val Ala Ser Ala Leu				
	180	185	190	
gac ttt ctg cat aac aaa ggc atc gcc cac agg gac cta aag ccg gaa				862
Asp Phe Leu His Asn Lys Gly Ile Ala His Arg Asp Leu Lys Pro Glu				
	195	200	205	
aac atc ctc tgt gag cac ccc aac cag gtc tcc ccc gtg aag atc tgt				910
Asn Ile Leu Cys Glu His Pro Asn Gln Val Ser Pro Val Lys Ile Cys				
	210	215	220	225
gac ttc gac ctg ggc agc ggc atc aaa ctc aac ggg gac tgc tcc cct				958
Asp Phe Asp Leu Gly Ser Gly Ile Lys Leu Asn Gly Asp Cys Ser Pro				
	230	235	240	
atc tcc acc ccg gag ctg ctc act ccg tgc ggc tcg gcg gag tac atg				1006
Ile Ser Thr Pro Glu Leu Leu Thr Pro Cys Gly Ser Ala Glu Tyr Met				
	245	250	255	
gcc ccg gag gta gtg gag gcc ttc agc gag gag gct agc atc tac gac				1054
Ala Pro Glu Val Val Glu Ala Phe Ser Glu Glu Ala Ser Ile Tyr Asp				
	260	265	270	
aag cgc tgc gac ctg tgg agc ctg ggc gtc atc ttg tat atc cta ctc				1102
Lys Arg Cys Asp Leu Trp Ser Leu Gly Val Ile Leu Tyr Ile Leu Leu				
	275	280	285	
agc ggc tac ccg ccc ttc gtg ggc cgc tgt ggc agc gac tgc ggc tgg				1150
Ser Gly Tyr Pro Pro Phe Val Gly Arg Cys Gly Ser Asp Cys Gly Trp				
	290	295	300	305
gac cgc ggc gag gcc tgc cct gcc tgc cag aac atg ctg ttt gag agc				1198
Asp Arg Gly Glu Ala Cys Pro Ala Cys Gln Asn Met Leu Phe Glu Ser				
	310	315	320	
atc cag gag ggc aag tac gag ttc ccc gac aag gac tgg gcc cac atc				1246
Ile Gln Glu Gly Lys Tyr Glu Phe Pro Asp Lys Asp Trp Ala His Ile				
	325	330	335	
tcc tgc gct gcc aaa gac ctc atc tcc aag ctg ctg gtc cgt gac gcc				1294
Ser Cys Ala Ala Lys Asp Leu Ile Ser Lys Leu Leu Val Arg Asp Ala				
	340	345	350	

aag cag agg ctg agt gcc gcc caa gtc ctg cag cac ccc tgg gtt cag	1342
Lys Gln Arg Leu Ser Ala Ala Gln Val Leu Gln His Pro Trp Val Gln	
355 360 365	
ggg tgc gcc ccg gag aac acc ttg ccc act ccc atg gtc ctg cag agg	1390
Gly Cys Ala Pro Glu Asn Thr Leu Pro Thr Pro Met Val Leu Gln Arg	
370 375 380 385	
aac agc tgt gcc aaa gac ctc acg tcc ttc gcg gct gag gcc att gcc	1438
Asn Ser Cys Ala Lys Asp Leu Thr Ser Phe Ala Ala Glu Ala Ile Ala	
390 395 400	
atg aac cgg cag ctg gcc cag cac gac gag gac ctg gct gag gag gag	1486
Met Asn Arg Gln Leu Ala Gln His Asp Glu Asp Leu Ala Glu Glu Glu	
405 410 415	
gcc gcg ggg cag ggc cag ccc gtc ctg gtc cga gct acc tca cgc tgc	1534
Ala Ala Gly Gln Gly Gln Pro Val Leu Val Arg Ala Thr Ser Arg Cys	
420 425 430	
ctg cag ctg tct cca ccc tcc cag tcc aag ctg gcg cag cgg cgg caa	1582
Leu Gln Leu Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Leu Ala Gln Arg Arg Gln	
435 440 445	
agg gcc agt ctg tcc tcg gcc cca gtg gtc ctg gtg gga gac cac gcc	1630
Arg Ala Ser Leu Ser Ser Ala Pro Val Val Leu Val Gly Asp His Ala	
450 455 460 465	
tga cctcaccatc tcccctctgt acataggtca cccgtccccc aatcaaattct	1683
aaaggttttt taagctatcg ccagccgggtg tccagcgggc tgcccctcct ctgcctggat	1743
tcccaggcac taagctcagc tgaggggggt gttttataga aggtttttgc ttttgggttt	1803
tttttttctt gtttccaccc ctccccgtta ttttttctt tggatggtta aaagcattgc	1863
aggcaccggg gaaggtgagc agagggtagg tgggtgggct tgtcccctcc ccggtccccc	1923
gccctgctca cctctactat gaaggtgccc ccaggtcacc tgtgctgccc gccatctgcc	1983
cacgtggctt gcagtgactc aggagagcag gccacagcg tttgccatct tgcagagctg	2043
gggaggggca caggaccctg cctcgtgtt cctcccagc ccgcagtatt tcagggaacag	2103
gctcttcccc tctatccctc accctgagag caccctgggt ggcttggttg gggaaggag	2163
gggctgcctg tctctggagg tgtcaggcag gcaggtggca ggcagctcac ccaccaccc	2223
catgggatcc cccagccctt caccgcgcc tgccttgtcc ccatgatagt tgacaatcgg	2283

ggcttcctgc aaggcccgtc tgtctgtcca ggactcctgg tggccagatt cggcctccga 2343
 ccttgacctt aaactgcagc tgaccccagg ggctcgccgc tgcccctccc ctccacacca 2403
 aggcctgaga cagcaggagc cccgcctggc ccgaagccgt ttccaccgca gcaggcagag 2463
 gggctggaca ggcactgtca gccaatgtgg ggggtcctga agacaccccc ttggggcacc 2523
 cgagtgcctc ttctcagggc tcagtctgac cgtagccacg tcctgcctcg cgccgcccct 2583
 cgggcctgac ctggaagctc cgtcagctcc gtccttgtcc ttagagctga gccagacccc 2643
 cggggctctgg ccgaatcctc acccccaggg cagtgttttt ggtctgccac cttcaggaaa 2703
 acggctgcgg cctcggcctc ccttcgggca cccaggaatg cgggggtctg ctcagtcccc 2763
 ccaccctcca tgctccaacc cccggggggt gcggagcctg ctgccccctc cccgcgggtg 2823
 gggacgttct atgcaataca gggttccact ttagaagtgc gcgcggctag ggtcaccgcc 2883
 cgcccttccc ggcgacgccc ccgagctcca cagctggggc agcccctctg gcttctaaat 2943
 ccgcggtcgg gattcttctc cctgtttagt ttttagttt ttctttaaaa aaaaacaaca 3003
 catcgatgga ctttgcttcc ctgttcttga agaatacttg aatgtcgggg ggcttggggg 3063
 tgggggcctc ggagaccgtc tgccctggccc tgctgccct cctgaatctc gtatgatggt 3123
 cacagtccgg tggccttggg ggtgctctgc cttccctggt cccactgcc catatctgtg 3183
 gactgcccct tccaaagacc cctggggggg gtggggcatt ccgcccaccc ctttccccca 3243
 tcacttctcg cctgtcagtg attccatgtt tcgtaacggg ggattctctg cctttttgta 3303
 tcaaagaaca agcaaatgga ccccgcccg ctgcaggcgc ccatagccat cgggtctcta 3363
 aagctgagtg gctagcagcg tttgtttgtt tgttttttt ttttttctg aaggtgggac 3423
 agtcacttcc tcctccctcc ccaccctgt cgcattccag tgcgacctgg aggactggtc 3483
 agaaccgtta ctgtgaatga gtgaagatcc tggaggaccc tgggccccag gccagctccc 3543
 atcgctgggg gacggtgaac ggccatgtgt taatgttacg atgtttttta aagacaaaaa 3603
 aaaaaaaaaa acctcaaaag tttttttaaa gtgggggaaa aacatccaag cactttaatt 3663
 ccaatgtacc aggtgaactg acggagctca gaagttttcc ttacaccaa ctgtcaatgc 3723
 cggaattttg tattctgttt tgtaaagatt taataaaagt caaaaaactt gcaaaaaaaaa 3783

aaaaaaaaaa aa

3795

<210> 44
<211> 465
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 44

Met Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe
1 5 10 15

Lys Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp
20 25 30

His Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met
35 40 45

Pro Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys
50 55 60

Lys Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu
65 70 75 80

Asp Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala
85 90 95

Arg Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val
100 105 110

Lys Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg
115 120 125

Glu Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu
130 135 140

Leu Ile Glu Phe Phe Glu Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu
145 150 155 160

Lys Met Arg Gly Gly Ser Ile Leu Ser His Ile His Lys Arg Arg His
 165 170 175

Phe Asn Glu Leu Glu Ala Ser Val Val Val Gln Asp Val Ala Ser Ala
 180 185 190

Leu Asp Phe Leu His Asn Lys Gly Ile Ala His Arg Asp Leu Lys Pro
 195 200 205

Glu Asn Ile Leu Cys Glu His Pro Asn Gln Val Ser Pro Val Lys Ile
 210 215 220

Cys Asp Phe Asp Leu Gly Ser Gly Ile Lys Leu Asn Gly Asp Cys Ser
 225 230 235 240

Pro Ile Ser Thr Pro Glu Leu Leu Thr Pro Cys Gly Ser Ala Glu Tyr
 245 250 255

Met Ala Pro Glu Val Val Glu Ala Phe Ser Glu Glu Ala Ser Ile Tyr
 260 265 270

Asp Lys Arg Cys Asp Leu Trp Ser Leu Gly Val Ile Leu Tyr Ile Leu
 275 280 285

Leu Ser Gly Tyr Pro Pro Phe Val Gly Arg Cys Gly Ser Asp Cys Gly
 290 295 300

Trp Asp Arg Gly Glu Ala Cys Pro Ala Cys Gln Asn Met Leu Phe Glu
 305 310 315 320

Ser Ile Gln Glu Gly Lys Tyr Glu Phe Pro Asp Lys Asp Trp Ala His
 325 330 335

Ile Ser Cys Ala Ala Lys Asp Leu Ile Ser Lys Leu Leu Val Arg Asp
 340 345 350

Ala Lys Gln Arg Leu Ser Ala Ala Gln Val Leu Gln His Pro Trp Val
 355 360 365

Gln Gly Cys Ala Pro Glu Asn Thr Leu Pro Thr Pro Met Val Leu Gln
 370 375 380

Arg Asn Ser Cys Ala Lys Asp Leu Thr Ser Phe Ala Ala Glu Ala Ile
 385 390 395 400

Ala Met Asn Arg Gln Leu Ala Gln His Asp Glu Asp Leu Ala Glu Glu
 405 410 415

Glu Ala Ala Gly Gln Gly Gln Pro Val Leu Val Arg Ala Thr Ser Arg
 420 425 430

Cys Leu Gln Leu Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Leu Ala Gln Arg Arg
 435 440 445

Gln Arg Ala Ser Leu Ser Ser Ala Pro Val Val Leu Val Gly Asp His
 450 455 460

Ala
 465

<210> 45
 <211> 631
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400> 45
 gaggtgaggg gcgcctctgc ccggccgccc ctactgggaa gtgaggagcc cctctgcctg 60
 gccagccgcc ccgtccggga gggcggtggg ggggtcagcc cccctcccgg ccagccgccc 120
 catctgggag gtgaggggca cttctgccgg gccgccccta ctgggaagtg aggagcccct 180
 ctgcccggcc acgaccccgt ctgggaggtg tgcccagcgg ctcatctgggg atgggccatg 240
 atgacaatgg cggtttttgt gaatagaaag gcgggaaggg tggggaaaaa attgagaaat 300
 cggatggttg cggggtctgt gtggatagaa gtagacatgg gagacttttc attttgttct 360
 gtactaagaa aaattcttct gccttgggat cctgttgatc tgtgacctta tccccaaccc 420

tgtgtctctct gaaacatgtg ctgtgtccac tcagggttaa atggattaag ggcggtgcaa 480
 gatgtgcttt gttaaacaga tgcttgaagg cagcatgctc gttaagagtc atcaccactc 540
 cctaattcta agtaccacagg gacacaaaca ctgcggaagg ccgcagggtc ctctgcctag 600
 gaaaaccaga gacctttgtt cacttgttat c 631

<210> 46
 <211> 472
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400> 46
 tactgggaag tgaggaaccc ctctgcccg ccagccgccc cgtccgggag ggaggtgggg 60
 ggatcagccc cccgcctggc agccgccccg tccgggaggt gaggggcgcc tctgcccggc 120
 cgcccctact gggaagtgag gagcccctct gcccgccag ccgcccgcgc cgggaggagg 180
 gtgggggggt cagccgccgc ccgtccggga cctagctggg caccgatggg ccggcacggg 240
 tacggtggca ggaagcgtca ggcgagcgaa gtgcgcgtaa cagtgccagc gacgacgaga 300
 cgagcaaagg tagtgccgag tgccagtaca tgatgccatc ctcagacgat gggaggcggt 360
 gtcgacgacc cgcgcgtgt actgagcaac aggttacact aagaatacaa cagtgggtcg 420
 cagtgcctat gagagaataa gtgatgacgc gtgtcgagcg attgtaccca ga 472

<210> 47
 <211> 7026
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (420).. (5045)
 <223>

<400> 47
 gacacgcacg caccggggcg ccgaaggga agccgcgtct cgcctcccgc cccgcgcgc 60
 ggtcctgtct cagtccctca gcagagcggg aaagcggagg ccggagccgt gacctctgac 120
 cccgtggtta tgcggagccg ccgcattcct tagcgatcgc ggggcagccg ccgctgccgc 180
 cgtgggcgac tgacgcagcg cgggcgcgtg gagccgccgc cgcctcccgc ccaccgccgc 240

tctcgcgcca gccgggtcccc gcggtgcccgc ccctttctccc cggcgcgcacc cgagacctcg 300
 cgcgccgccc ctgccacgcg ccccccccccac cgccgcccgc gccccagccc cgcgccaccg 360
 ccccagcccg cccagcccgg aggtcccgcg tggagctgcc gccgcccgcg gggagaagg 419
 atg aag gac aaa cag aag aag aag aag gag cgc acg tgg gcc gag gcc 467
 Met Lys Asp Lys Gln Lys Lys Lys Lys Glu Arg Thr Trp Ala Glu Ala
 1 5 10 15
 gcg cgc ctg gta tta gaa aac tac tcg gat gct cca atg aca cca aaa 515
 Ala Arg Leu Val Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Ala Pro Met Thr Pro Lys
 20 25 30
 cag att ctg cag gtc ata gag gca gaa gga cta aag gaa atg aga agt 563
 Gln Ile Leu Gln Val Ile Glu Ala Glu Gly Leu Lys Glu Met Arg Ser
 35 40 45
 ggg act tcc cct ctc gca tgc ctc aat gct atg cta cat tcc aat tca 611
 Gly Thr Ser Pro Leu Ala Cys Leu Asn Ala Met Leu His Ser Asn Ser
 50 55 60
 aga gga gga gag ggg ttg ttt tat aaa ctg cct ggc cga atc agc ctt 659
 Arg Gly Gly Glu Gly Leu Phe Tyr Lys Leu Pro Gly Arg Ile Ser Leu
 65 70 75 80
 ttc acg ctc aag aag gat gcc ctg cag tgg tct cgc cat cca gct aca 707
 Phe Thr Leu Lys Lys Asp Ala Leu Gln Trp Ser Arg His Pro Ala Thr
 85 90 95
 gtg gag gga gag gag cca gag gac acg gct gat gtg gag agc tgt ggg 755
 Val Glu Gly Glu Glu Pro Glu Asp Thr Ala Asp Val Glu Ser Cys Gly
 100 105 110
 tct aat gaa gcc agc act gtg agt ggt gaa aac gat gta tct ctt gat 803
 Ser Asn Glu Ala Ser Thr Val Ser Gly Glu Asn Asp Val Ser Leu Asp
 115 120 125
 gaa aca tct tcg aac gca tcc tgt tct aca gaa tct cag agt cga cct 851
 Glu Thr Ser Ser Asn Ala Ser Cys Ser Thr Glu Ser Gln Ser Arg Pro
 130 135 140
 ctt tcc aat ccc agg gac agc tac aga gct tcc tca cag gcg aac aaa 899
 Leu Ser Asn Pro Arg Asp Ser Tyr Arg Ala Ser Ser Gln Ala Asn Lys
 145 150 155 160
 caa aag aaa aag act ggg gtg atg ctg cct cga gtt gtc ctg act cct 947
 Gln Lys Lys Lys Thr Gly Val Met Leu Pro Arg Val Val Leu Thr Pro
 165 170 175

ctg aag gta aac ggg gcc cac gtg gaa tct gca tca ggg ttc tcg ggc	995
Leu Lys Val Asn Gly Ala His Val Glu Ser Ala Ser Gly Phe Ser Gly	
180 185 190	
tgc cac gcc gat ggc gag agc ggc agc ccg tcc agc agc agc agc ggc	1043
Cys His Ala Asp Gly Glu Ser Gly Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Gly	
195 200 205	
tct ctg gcc ctg ggc agc gct gct att cgt ggc cag gcc gag gtc acc	1091
Ser Leu Ala Leu Gly Ser Ala Ala Ile Arg Gly Gln Ala Glu Val Thr	
210 215 220	
cag gac cct gcc ccg ctc ctg aga ggc ttc cgg aag cca gcc aca ggt	1139
Gln Asp Pro Ala Pro Leu Leu Arg Gly Phe Arg Lys Pro Ala Thr Gly	
225 230 235 240	
caa atg aag cgc aac aga ggg gaa gaa ata gat ttt gag aca cct ggg	1187
Gln Met Lys Arg Asn Arg Gly Glu Glu Ile Asp Phe Glu Thr Pro Gly	
245 250 255	
tcc att ctt gtc aac acc aac ctc cgt gcc ctg atc aac tct cgg acc	1235
Ser Ile Leu Val Asn Thr Asn Leu Arg Ala Leu Ile Asn Ser Arg Thr	
260 265 270	
ttc cat gcc tta cca tca cac ttc cag cag cag ctc ctc ttc ctc ctg	1283
Phe His Ala Leu Pro Ser His Phe Gln Gln Gln Leu Leu Phe Leu Leu	
275 280 285	
cct gaa gta gac aga cag gtg ggg acg gat ggc ctg ttg cgt ctc agc	1331
Pro Glu Val Asp Arg Gln Val Gly Thr Asp Gly Leu Leu Arg Leu Ser	
290 295 300	
agc agt gca cta aat aac gag ttt ttt acc cat gcg gct cag agc tgg	1379
Ser Ser Ala Leu Asn Asn Glu Phe Phe Thr His Ala Ala Gln Ser Trp	
305 310 315 320	
cgg gag cgc ctg gct gat ggt gaa ttt act cat gag atg caa gtc agg	1427
Arg Glu Arg Leu Ala Asp Gly Glu Phe Thr His Glu Met Gln Val Arg	
325 330 335	
ata cga cag gaa atg gag aag gaa aag aag gtg gaa caa tgg aaa gaa	1475
Ile Arg Gln Glu Met Glu Lys Glu Lys Lys Val Glu Gln Trp Lys Glu	
340 345 350	
aag ttc ttt gaa gac tac tat gga cag aag ctg ggt ttg acc aaa gaa	1523
Lys Phe Phe Glu Asp Tyr Tyr Gly Gln Lys Leu Gly Leu Thr Lys Glu	
355 360 365	
gag tca ttg cag cag aac gtg ggc cag gag gag gct gaa atc aaa agt	1571
128/201	

Glu Ser Leu Gln Gln Asn Val Gly Gln Glu Glu Ala Glu Ile Lys Ser	
370 375 380	
ggc ttg tgt gtc cca gga gaa tca gtg cgt ata cag cgt ggt cca gcc	1619
Gly Leu Cys Val Pro Gly Glu Ser Val Arg Ile Gln Arg Gly Pro Ala	
385 390 395 400	
acc cga cag cga gat ggg cat ttt aag aaa cgc tct cgg cca gat ctc	1667
Thr Arg Gln Arg Asp Gly His Phe Lys Lys Arg Ser Arg Pro Asp Leu	
405 410 415	
cga acc aga gcc aga agg aat ctg tac aaa aaa cag gag tca gaa caa	1715
Arg Thr Arg Ala Arg Arg Asn Leu Tyr Lys Lys Gln Glu Ser Glu Gln	
420 425 430	
gca ggg gtt gct aag gat gca aaa tct gtg gcc tca gat gtt ccc ctc	1763
Ala Gly Val Ala Lys Asp Ala Lys Ser Val Ala Ser Asp Val Pro Leu	
435 440 445	
tac aag gat ggg gag gct aag act gac cca gca ggg ctg agc agt ccc	1811
Tyr Lys Asp Gly Glu Ala Lys Thr Asp Pro Ala Gly Leu Ser Ser Pro	
450 455 460	
cat ctg cca ggc aca tcc tct gca gca ccc gac ctg gag ggt ccc gaa	1859
His Leu Pro Gly Thr Ser Ser Ala Ala Pro Asp Leu Glu Gly Pro Glu	
465 470 475 480	
ttc cca gtt gag tct gtg gct tct cgg atc cag gct gag cca gac aac	1907
Phe Pro Val Glu Ser Val Ala Ser Arg Ile Gln Ala Glu Pro Asp Asn	
485 490 495	
ttg gca cgt gcc tct gca tct cca gac aga att cct agc ctg cct cag	1955
Leu Ala Arg Ala Ser Ala Ser Pro Asp Arg Ile Pro Ser Leu Pro Gln	
500 505 510	
gaa act gtg gat cag gaa ccc aag gat cag aag agg aaa tcc ttt gag	2003
Glu Thr Val Asp Gln Glu Pro Lys Asp Gln Lys Arg Lys Ser Phe Glu	
515 520 525	
cag gcg gcc tct gca tcc ttt ccc gaa aag aag ccc cgg ctt gaa gat	2051
Gln Ala Ala Ser Ala Ser Phe Pro Glu Lys Lys Pro Arg Leu Glu Asp	
530 535 540	
cgt cag tcc ttt cgt aac aca att gaa agt gtt cac acc gaa aag cca	2099
Arg Gln Ser Phe Arg Asn Thr Ile Glu Ser Val His Thr Glu Lys Pro	
545 550 555 560	
cag ccc act aaa gag gag ccc aaa gtc ccg ccc atc cgg att caa ctt	2147
Gln Pro Thr Lys Glu Glu Pro Lys Val Pro Pro Ile Arg Ile Gln Leu	
565 570 575	

tca cgt atc aaa cca ccc tgg gtg gtt aaa ggt cag ccc act tac cag	2195
Ser Arg Ile Lys Pro Pro Trp Val Val Lys Gly Gln Pro Thr Tyr Gln	
580 585 590	
ata tgc ccc cgg atc atc ccc acc acg gag tcc tcc tgc cgg ggt tgg	2243
Ile Cys Pro Arg Ile Ile Pro Thr Thr Glu Ser Ser Cys Arg Gly Trp	
595 600 605	
act ggc gcc agg acc ctc gca gac att aaa gcc cgt gct ctg cag gtc	2291
Thr Gly Ala Arg Thr Leu Ala Asp Ile Lys Ala Arg Ala Leu Gln Val	
610 615 620	
cga ggg gcg aga ggt cac cac tgc cat aga gag gcg gcc acc act gcc	2339
Arg Gly Ala Arg Gly His His Cys His Arg Glu Ala Ala Thr Thr Ala	
625 630 635 640	
atc gga ggg ggg ggt ggc ccg ggt gga ggt ggc ggc ggg gcc acc gat	2387
Ile Gly Gly Gly Gly Gly Pro Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Thr Asp	
645 650 655	
gag gga ggt ggc aga ggc agc agc agt ggt gat ggt ggt gag gcc tgt	2435
Glu Gly Gly Gly Arg Gly Ser Ser Ser Gly Asp Gly Gly Glu Ala Cys	
660 665 670	
ggc cac cct gag ccc agg gga ggc ccg agc acc cct gga aag tgt acg	2483
Gly His Pro Glu Pro Arg Gly Gly Pro Ser Thr Pro Gly Lys Cys Thr	
675 680 685	
tca gat cta cag cga aca caa cta ctg ccg cct tat cct cta aat ggg	2531
Ser Asp Leu Gln Arg Thr Gln Leu Leu Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly	
690 695 700	
gag cat acc cag gcc gga act gcc atg tcc aga gct agg aga gag gac	2579
Glu His Thr Gln Ala Gly Thr Ala Met Ser Arg Ala Arg Arg Glu Asp	
705 710 715 720	
ctg cct tct ctg aga aag gag gaa agc tgc cta cta cag agg gct aca	2627
Leu Pro Ser Leu Arg Lys Glu Glu Ser Cys Leu Leu Gln Arg Ala Thr	
725 730 735	
gtt gga ctc aca gat ggg cta gga gat gcc tcc caa ctc ccc gtt gct	2675
Val Gly Leu Thr Asp Gly Leu Gly Asp Ala Ser Gln Leu Pro Val Ala	
740 745 750	
ccc act ggg gac cag cca tgc cag gcc ttg ccc cta ctg tcc tcc caa	2723
Pro Thr Gly Asp Gln Pro Cys Gln Ala Leu Pro Leu Leu Ser Ser Gln	
755 760 765	
acc tca gta gct gag aga tta gtg gag cag cct cag ttg cat ccg gat	2771

Thr	Ser	Val	Ala	Glu	Arg	Leu	Val	Glu	Gln	Pro	Gln	Leu	His	Pro	Asp		
770						775					780						
gtt	aga	act	gaa	tgt	gag	tct	ggc	acc	act	tcc	tgg	gaa	agt	gat	gat	2819	
Val	Arg	Thr	Glu	Cys	Glu	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Trp	Glu	Ser	Asp	Asp		
785					790					795					800		
gag	gag	caa	gga	ccc	acc	gtt	cct	gca	gac	aat	ggg	ccc	att	ccg	tct	2867	
Glu	Glu	Gln	Gly	Pro	Thr	Val	Pro	Ala	Asp	Asn	Gly	Pro	Ile	Pro	Ser		
				805					810					815			
cta	gtg	gga	gat	gat	aca	tta	gag	aaa	gga	act	ggc	caa	gct	ctt	gac	2915	
Leu	Val	Gly	Asp	Asp	Thr	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Leu	Asp		
			820					825					830				
agt	cat	ccc	act	atg	aag	gat	cct	gta	aat	gtg	acc	ccc	agt	tcc	aca	2963	
Ser	His	Pro	Thr	Met	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Val	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr		
		835					840					845					
cct	gaa	tcc	tca	ccg	act	gat	tgc	ctg	cag	aac	aga	gca	ttt	gat	gac	3011	
Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Asp	Cys	Leu	Gln	Asn	Arg	Ala	Phe	Asp	Asp		
	850					855				860							
gaa	tta	ggg	ctt	ggg	ggc	tca	tgc	cct	cct	atg	agg	gaa	agt	gat	act	3059	
Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Cys	Pro	Pro	Met	Arg	Glu	Ser	Asp	Thr		
865					870					875					880		
aga	caa	gaa	aac	ttg	aaa	acc	aag	gct	ctc	gtt	tct	aac	agt	tct	ttg	3107	
Arg	Gln	Glu	Asn	Leu	Lys	Thr	Lys	Ala	Leu	Val	Ser	Asn	Ser	Ser	Leu		
				885					890					895			
cat	tgg	ata	ccc	atc	cca	tgc	aat	gat	gag	gta	gtg	aaa	cag	ccc	aaa	3155	
His	Trp	Ile	Pro	Ile	Pro	Ser	Asn	Asp	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Pro	Lys		
			900					905					910				
cca	gaa	tcc	aga	gaa	cac	ata	cca	tct	gtt	gag	ccc	cag	gtt	gga	gag	3203	
Pro	Glu	Ser	Arg	Glu	His	Ile	Pro	Ser	Val	Glu	Pro	Gln	Val	Gly	Glu		
		915					920					925					
gag	tgg	gag	aaa	gct	gct	ccc	acc	cct	cct	gca	ttg	cct	ggg	gat	ttg	3251	
Glu	Trp	Glu	Lys	Ala	Ala	Pro	Thr	Pro	Pro	Ala	Leu	Pro	Gly	Asp	Leu		
	930					935				940							
aca	gct	gag	gag	ggg	cta	gat	cct	ctt	gac	agc	ctt	act	tca	ctc	tgg	3299	
Thr	Ala	Glu	Glu	Gly	Leu	Asp	Pro	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr	Ser	Leu	Trp		
945					950					955					960		
act	gtg	cca	tct	cga	gga	ggc	agt	gac	agc	aat	ggc	agt	tac	tgt	caa	3347	
Thr	Val	Pro	Ser	Arg	Gly	Gly	Ser	Asp	Ser	Asn	Gly	Ser	Tyr	Cys	Gln		
				965				970						975			

cag gtg gac att gaa aag ctg aaa atc aac gga gac tct gaa gca ctg	3395
Gln Val Asp Ile Glu Lys Leu Lys Ile Asn Gly Asp Ser Glu Ala Leu	
980 985 990	
agt cct cac ggt gag tcc acg gat aca gcc tct gac ttt gaa ggt cac	3443
Ser Pro His Gly Glu Ser Thr Asp Thr Ala Ser Asp Phe Glu Gly His	
995 1000 1005	
ctc acg gag gac agc agt gag gct gac act aga gaa gct gca gtg	3488
Leu Thr Glu Asp Ser Ser Glu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Ala Val	
1010 1015 1020	
aca aag gga tct tcg gtg gac aag gat gag aaa ccc aat tgg aac	3533
Thr Lys Gly Ser Ser Val Asp Lys Asp Glu Lys Pro Asn Trp Asn	
1025 1030 1035	
caa tct gcc cca ctg tcc aag gtg aat ggt gac atg cgt ctg gtt	3578
Gln Ser Ala Pro Leu Ser Lys Val Asn Gly Asp Met Arg Leu Val	
1040 1045 1050	
aca agg aca gat ggg atg gtt gct cct cag agc tgg gtg tct cga	3623
Thr Arg Thr Asp Gly Met Val Ala Pro Gln Ser Trp Val Ser Arg	
1055 1060 1065	
gta tgt gcg gtc cgc caa aag atc cca gat tcc cta ctg ctg gcc	3668
Val Cys Ala Val Arg Gln Lys Ile Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala	
1070 1075 1080	
agt act gag tac cag cca aga gcc gtg tgc ctg tcc atg cct ggg	3713
Ser Thr Glu Tyr Gln Pro Arg Ala Val Cys Leu Ser Met Pro Gly	
1085 1090 1095	
tcc tca gtg gag gcc act aac cca ctt gtg atg cag ttg ctg cag	3758
Ser Ser Val Glu Ala Thr Asn Pro Leu Val Met Gln Leu Leu Gln	
1100 1105 1110	
ggt agc ttg ccc cta gag aag gtt ctt cca cca gcc cac gat gac	3803
Gly Ser Leu Pro Leu Glu Lys Val Leu Pro Pro Ala His Asp Asp	
1115 1120 1125	
agc atg tca gaa tcc cca caa gta cca ctt aca aaa gac cag agc	3848
Ser Met Ser Glu Ser Pro Gln Val Pro Leu Thr Lys Asp Gln Ser	
1130 1135 1140	
cat ggc tcg cta cgc atg gga tct tta cat ggt ctt gga aaa aac	3893
His Gly Ser Leu Arg Met Gly Ser Leu His Gly Leu Gly Lys Asn	
1145 1150 1155	
agt ggc atg gtt gat gga agc agc ccc agt tct tta agg gct ttg	3938

Ser Gly Met Val Asp Gly Ser Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ala Leu	
1160 1165 1170	
aag gag cct ctt ctg cca gat agc tgt gaa aca ggc act ggt ctt	3983
Lys Glu Pro Leu Leu Pro Asp Ser Cys Glu Thr Gly Thr Gly Leu	
1175 1180 1185	
gcc agg att gag gcc acc cag gct cct gga gca ccc caa aag aat	4028
Ala Arg Ile Glu Ala Thr Gln Ala Pro Gly Ala Pro Gln Lys Asn	
1190 1195 1200	
tgc aag gca gtc cca agt ttt gac tcc ctc cat cca gtg aca aat	4073
Cys Lys Ala Val Pro Ser Phe Asp Ser Leu His Pro Val Thr Asn	
1205 1210 1215	
ccc att aca tcc tct agg aaa ctg gaa gaa atg gat tcc aaa gag	4118
Pro Ile Thr Ser Ser Arg Lys Leu Glu Glu Met Asp Ser Lys Glu	
1220 1225 1230	
cag ttc tct tcc ttt agt tgt gaa gat cag aag gaa gtc cgt gct	4163
Gln Phe Ser Ser Phe Ser Cys Glu Asp Gln Lys Glu Val Arg Ala	
1235 1240 1245	
atg tca cag gac agt aat tca aat gct gct cca gga aag agc cca	4208
Met Ser Gln Asp Ser Asn Ser Asn Ala Ala Pro Gly Lys Ser Pro	
1250 1255 1260	
gga gat ctt act acc tcg aga aca cct cgt ttc tca tct cca aat	4253
Gly Asp Leu Thr Thr Ser Arg Thr Pro Arg Phe Ser Ser Pro Asn	
1265 1270 1275	
gtg atc tcc ttt ggt cca gag cag aca ggt cgg gcc ctg ggt gat	4298
Val Ile Ser Phe Gly Pro Glu Gln Thr Gly Arg Ala Leu Gly Asp	
1280 1285 1290	
cag agc aat gtt aca ggc caa ggg aag aag ctt ttt ggc tct ggg	4343
Gln Ser Asn Val Thr Gly Gln Gly Lys Lys Leu Phe Gly Ser Gly	
1295 1300 1305	
aat gtg gct gca acc ctt cag cgc ccc agg cct gcg gac ccg atg	4388
Asn Val Ala Ala Thr Leu Gln Arg Pro Arg Pro Ala Asp Pro Met	
1310 1315 1320	
cct ctt cct gct gag atc cct cca gtt ttt ccc agt ggg aag ttg	4433
Pro Leu Pro Ala Glu Ile Pro Pro Val Phe Pro Ser Gly Lys Leu	
1325 1330 1335	
gga cca agc aca aac tcc atg tct ggt ggg gta cag act cca agg	4478
Gly Pro Ser Thr Asn Ser Met Ser Gly Gly Val Gln Thr Pro Arg	
1340 1345 1350	

gaa gac	tgg gct cca aag cca	cat gcc ttt gtt ggc	agc gtc aag	4523
Glu Asp	Trp Ala Pro Lys Pro	His Ala Phe Val Gly	Ser Val Lys	
1355	1360	1365		
aat gag	aag act ttt gtg ggg	ggt cct ctt aag gca	aat gcc gag	4568
Asn Glu	Lys Thr Phe Val Gly	Gly Pro Leu Lys Ala	Asn Ala Glu	
1370	1375	1380		
aac agg	aaa gct act ggg cat	agt ccc ctg gaa ctg	gtg ggt cac	4613
Asn Arg	Lys Ala Thr Gly His	Ser Pro Leu Glu Leu	Val Gly His	
1385	1390	1395		
ttg gaa	ggg atg ccc ttt gtc	atg gac ttg ccc ttc	tgg aaa tta	4658
Leu Glu	Gly Met Pro Phe Val	Met Asp Leu Pro Phe	Trp Lys Leu	
1400	1405	1410		
ccc cga	gag cca ggg aag ggg	ctc agt gag cct ctg	gag cct tct	4703
Pro Arg	Glu Pro Gly Lys Gly	Leu Ser Glu Pro Leu	Glu Pro Ser	
1415	1420	1425		
tct ctc	ccc tcc caa ctc agc	atc aag cag gca ttt	tat ggg aag	4748
Ser Leu	Pro Ser Gln Leu Ser	Ile Lys Gln Ala Phe	Tyr Gly Lys	
1430	1435	1440		
ctt tct	aaa ctc caa ctg agt	tcc acc agc ttt aat	tat tcc tct	4793
Leu Ser	Lys Leu Gln Leu Ser	Ser Thr Ser Phe Asn	Tyr Ser Ser	
1445	1450	1455		
agc tct	ccc acc ttt ccc aaa	ggc ctt gct gga agt	gtg gtg cag	4838
Ser Ser	Pro Thr Phe Pro Lys	Gly Leu Ala Gly Ser	Val Val Gln	
1460	1465	1470		
ctg agc	cac aaa gca aac ttt	ggt gcg agc cac agt	gca tca ctt	4883
Leu Ser	His Lys Ala Asn Phe	Gly Ala Ser His Ser	Ala Ser Leu	
1475	1480	1485		
tcc ttg	caa atg ttc act gac	agc agc acg gtg gaa	agc atc tcg	4928
Ser Leu	Gln Met Phe Thr Asp	Ser Ser Thr Val Glu	Ser Ile Ser	
1490	1495	1500		
ctc cag	tgt gcg tgc agc ctg	aaa gcc atg atc atg	tgc caa ggc	4973
Leu Gln	Cys Ala Cys Ser Leu	Lys Ala Met Ile Met	Cys Gln Gly	
1505	1510	1515		
tgc ggt	gcg ttc tgt cac gat	gac tgt att gga ccc	tca aag ctc	5018
Cys Gly	Ala Phe Cys His Asp	Asp Cys Ile Gly Pro	Ser Lys Leu	
1520	1525	1530		
tgt gta	ttg tgc ctt gtg gtg	aga taa taaattatgg	ccatgggaaa	5065

Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg
1535 1540

cattgtatat ttagtgtgtg tattttgata atgattgac ttaaattctgt atacagaata 5125
tcattgatat aatactcttt aggcaggagc actcttgcct tccccaaaa tttaactgc 5185
taaagccctc tgtcacttgg cgacccttct ggtcttgcct gaggggttct ctgggtataa 5245
ccattgggc tgcccaaggc cagccagcct gagctctcct gcaagacaga gcctgatgtg 5305
gcacggagtg gggttgcggg gggtgggggg actgcctgac tcccagaggg acttgaaact 5365
gaagcaagaa gggtgcattc tccaccaagg gagttaacct acctgaacta agtagaaatg 5425
ccagtcttcc actacccctt ccctgccatc ttttcttctg ctactttggg gagttgatgg 5485
ccaggaaaga agccagcaca gggttaaagt aactcctggc attgccacc agggggctgg 5545
tgcacctgct gacctcaggg tcacagtga gtcatttgc agttgacgga gcaagtttga 5605
ccttggttct gttgctgaag caaatttga acttttctgt ctcaagtga tccactaacc 5665
cacaggatca tttggaacct tgaatagctc tgcttggaca atgggggttg ggaatagggt 5725
tgtctttcct atgaaaatgc catctgtaga ccttgtgagt cagccgtcca gatgtttgca 5785
ggatgaattcc tctgcttgac atcctccctg tcaacttga ccctatggga gtgggcatct 5845
ccacgcacct gtgtatgtga aagtcatttt acatttcaaa gcagtgtgtg tttcttattt 5905
ttatatTTTT aactctttat tcttgatgt ataaagtga ctttttggct tctgtaagta 5965
tgctctatgc acctctaag ttttatcatg tatttatatg ttgtacacag tactggctga 6025
ttctgtaaat ggatgtattg tacagagaac atgaacgtct cttcctaatt ttacatcttc 6085
agcatcattg cattaaagt gtgtaatctc cttctctaca tctgttgc gagccactga 6145
gtgctgtgct gctcgacgtg agggtgaaat gattgacttg tgacctgcca ggttgcccga 6205
tgccctgttg ggtcaccggc tggacctgct gcagcctgca gagccacagt cagcctgccc 6265
acatgccacc gagcaaagc atcttgcttt tcacatctct cctcctacag ccttaatggc 6325
tgcttgcctgc catatgtgac aaatcaccac caccagtgtt aagtgcctct ggattcatgg 6385
gtgagttccc tgggcagccc ccaggaagc cttccagatc tggtccagg gtcaccacct 6445
gtcacagcaa tacctgggac catgctctcc tgggactgtg aggtccctt tgacgtactt 6505

ttgacatcag gcaggtttgg gaagaaacaa agccatgcct gctcctgcct ctctcccaac 6565
 atgtttccag caagtagatg cccctgtgtg tgttttcct tgccttggtt cctgccttat 6625
 atcttgtatt tcgacttatt acagagttga gggttcttgc ttaatttaga tcaagtataa 6685
 aatttgtatg acttcaagtc tcattttatc tgaaagggtt ttttctcatt taatctgatg 6745
 tggcattttc gtcacttgaa gcatgagtga caagttggga atgatgtggt gatttagaat 6805
 gcagtattgg ccaagtccaa gttgtcaact taagcgtctg tttaccaaag accgggaaca 6865
 ggggccccaa catgtccagt cctcttcttc cctctgctgg aacctttggg gacactcaag 6925
 ggtacagttt gacactgatc tgggtccatga ggctgccag agaaagcact gcttctgtat 6985
 gtctcttggtg gtattggaac aataaaccg tacaacctgc a 7026

<210> 48
 <211> 1541
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 48

Met Lys Asp Lys Gln Lys Lys Lys Lys Glu Arg Thr Trp Ala Glu Ala
 1 5 10 15

Ala Arg Leu Val Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Ala Pro Met Thr Pro Lys
 20 25 30

Gln Ile Leu Gln Val Ile Glu Ala Glu Gly Leu Lys Glu Met Arg Ser
 35 40 45

Gly Thr Ser Pro Leu Ala Cys Leu Asn Ala Met Leu His Ser Asn Ser
 50 55 60

Arg Gly Gly Glu Gly Leu Phe Tyr Lys Leu Pro Gly Arg Ile Ser Leu
 65 70 75 80

Phe Thr Leu Lys Lys Asp Ala Leu Gln Trp Ser Arg His Pro Ala Thr
 85 90 95

Val Glu Gly Glu Glu Pro Glu Asp Thr Ala Asp Val Glu Ser Cys Gly
100 105 110

Ser Asn Glu Ala Ser Thr Val Ser Gly Glu Asn Asp Val Ser Leu Asp
115 120 125

Glu Thr Ser Ser Asn Ala Ser Cys Ser Thr Glu Ser Gln Ser Arg Pro
130 135 140

Leu Ser Asn Pro Arg Asp Ser Tyr Arg Ala Ser Ser Gln Ala Asn Lys
145 150 155 160

Gln Lys Lys Lys Thr Gly Val Met Leu Pro Arg Val Val Leu Thr Pro
165 170 175

Leu Lys Val Asn Gly Ala His Val Glu Ser Ala Ser Gly Phe Ser Gly
180 185 190

Cys His Ala Asp Gly Glu Ser Gly Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Gly
195 200 205

Ser Leu Ala Leu Gly Ser Ala Ala Ile Arg Gly Gln Ala Glu Val Thr
210 215 220

Gln Asp Pro Ala Pro Leu Leu Arg Gly Phe Arg Lys Pro Ala Thr Gly
225 230 235 240

Gln Met Lys Arg Asn Arg Gly Glu Glu Ile Asp Phe Glu Thr Pro Gly
245 250 255

Ser Ile Leu Val Asn Thr Asn Leu Arg Ala Leu Ile Asn Ser Arg Thr
260 265 270

Phe His Ala Leu Pro Ser His Phe Gln Gln Gln Leu Leu Phe Leu Leu
275 280 285

Pro Glu Val Asp Arg Gln Val Gly Thr Asp Gly Leu Leu Arg Leu Ser
137/201

290	295	300
Ser Ser Ala Leu Asn Asn Glu Phe Phe Thr His Ala Ala Gln Ser Trp		
305	310	315 320
Arg Glu Arg Leu Ala Asp Gly Glu Phe Thr His Glu Met Gln Val Arg		
	325	330 335
Ile Arg Gln Glu Met Glu Lys Glu Lys Lys Val Glu Gln Trp Lys Glu		
	340	345 350
Lys Phe Phe Glu Asp Tyr Tyr Gly Gln Lys Leu Gly Leu Thr Lys Glu		
	355	360 365
Glu Ser Leu Gln Gln Asn Val Gly Gln Glu Glu Ala Glu Ile Lys Ser		
	370	375 380
Gly Leu Cys Val Pro Gly Glu Ser Val Arg Ile Gln Arg Gly Pro Ala		
385	390	395 400
Thr Arg Gln Arg Asp Gly His Phe Lys Lys Arg Ser Arg Pro Asp Leu		
	405	410 415
Arg Thr Arg Ala Arg Arg Asn Leu Tyr Lys Lys Gln Glu Ser Glu Gln		
	420	425 430
Ala Gly Val Ala Lys Asp Ala Lys Ser Val Ala Ser Asp Val Pro Leu		
	435	440 445
Tyr Lys Asp Gly Glu Ala Lys Thr Asp Pro Ala Gly Leu Ser Ser Pro		
	450	455 460
His Leu Pro Gly Thr Ser Ser Ala Ala Pro Asp Leu Glu Gly Pro Glu		
465	470	475 480
Phe Pro Val Glu Ser Val Ala Ser Arg Ile Gln Ala Glu Pro Asp Asn		
	485	490 495

Ser Asp Leu Gln Arg Thr Gln Leu Leu Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly
139/201

690

695

700

Glu His Thr Gln Ala Gly Thr Ala Met Ser Arg Ala Arg Arg Glu Asp
 705 710 715 720

Leu Pro Ser Leu Arg Lys Glu Glu Ser Cys Leu Leu Gln Arg Ala Thr
 725 730 735

Val Gly Leu Thr Asp Gly Leu Gly Asp Ala Ser Gln Leu Pro Val Ala
 740 745 750

Pro Thr Gly Asp Gln Pro Cys Gln Ala Leu Pro Leu Leu Ser Ser Gln
 755 760 765

Thr Ser Val Ala Glu Arg Leu Val Glu Gln Pro Gln Leu His Pro Asp
 770 775 780

Val Arg Thr Glu Cys Glu Ser Gly Thr Thr Ser Trp Glu Ser Asp Asp
 785 790 795 800

Glu Glu Gln Gly Pro Thr Val Pro Ala Asp Asn Gly Pro Ile Pro Ser
 805 810 815

Leu Val Gly Asp Asp Thr Leu Glu Lys Gly Thr Gly Gln Ala Leu Asp
 820 825 830

Ser His Pro Thr Met Lys Asp Pro Val Asn Val Thr Pro Ser Ser Thr
 835 840 845

Pro Glu Ser Ser Pro Thr Asp Cys Leu Gln Asn Arg Ala Phe Asp Asp
 850 855 860

Glu Leu Gly Leu Gly Gly Ser Cys Pro Pro Met Arg Glu Ser Asp Thr
 865 870 875 880

Arg Gln Glu Asn Leu Lys Thr Lys Ala Leu Val Ser Asn Ser Ser Leu
 885 890 895

His Trp Ile Pro Ile Pro Ser Asn Asp Glu Val Val Lys Gln Pro Lys
900 905 910

Pro Glu Ser Arg Glu His Ile Pro Ser Val Glu Pro Gln Val Gly Glu
915 920 925

Glu Trp Glu Lys Ala Ala Pro Thr Pro Pro Ala Leu Pro Gly Asp Leu
930 935 940

Thr Ala Glu Glu Gly Leu Asp Pro Leu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Trp
945 950 955 960

Thr Val Pro Ser Arg Gly Gly Ser Asp Ser Asn Gly Ser Tyr Cys Gln
965 970 975

Gln Val Asp Ile Glu Lys Leu Lys Ile Asn Gly Asp Ser Glu Ala Leu
980 985 990

Ser Pro His Gly Glu Ser Thr Asp Thr Ala Ser Asp Phe Glu Gly His
995 1000 1005

Leu Thr Glu Asp Ser Ser Glu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Ala Val
1010 1015 1020

Thr Lys Gly Ser Ser Val Asp Lys Asp Glu Lys Pro Asn Trp Asn
1025 1030 1035

Gln Ser Ala Pro Leu Ser Lys Val Asn Gly Asp Met Arg Leu Val
1040 1045 1050

Thr Arg Thr Asp Gly Met Val Ala Pro Gln Ser Trp Val Ser Arg
1055 1060 1065

Val Cys Ala Val Arg Gln Lys Ile Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala
1070 1075 1080

Ser Thr Glu Tyr Gln Pro Arg Ala Val Cys Leu Ser Met Pro Gly
141/201

1085		1090		1095
Ser Ser Val Glu Ala Thr Asn Pro Leu Val Met Gln Leu Leu Gln				
1100		1105		1110
Gly Ser Leu Pro Leu Glu Lys Val Leu Pro Pro Ala His Asp Asp				
1115		1120		1125
Ser Met Ser Glu Ser Pro Gln Val Pro Leu Thr Lys Asp Gln Ser				
1130		1135		1140
His Gly Ser Leu Arg Met Gly Ser Leu His Gly Leu Gly Lys Asn				
1145		1150		1155
Ser Gly Met Val Asp Gly Ser Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ala Leu				
1160		1165		1170
Lys Glu Pro Leu Leu Pro Asp Ser Cys Glu Thr Gly Thr Gly Leu				
1175		1180		1185
Ala Arg Ile Glu Ala Thr Gln Ala Pro Gly Ala Pro Gln Lys Asn				
1190		1195		1200
Cys Lys Ala Val Pro Ser Phe Asp Ser Leu His Pro Val Thr Asn				
1205		1210		1215
Pro Ile Thr Ser Ser Arg Lys Leu Glu Glu Met Asp Ser Lys Glu				
1220		1225		1230
Gln Phe Ser Ser Phe Ser Cys Glu Asp Gln Lys Glu Val Arg Ala				
1235		1240		1245
Met Ser Gln Asp Ser Asn Ser Asn Ala Ala Pro Gly Lys Ser Pro				
1250		1255		1260
Gly Asp Leu Thr Thr Ser Arg Thr Pro Arg Phe Ser Ser Pro Asn				
1265		1270		1275

Val Ile Ser Phe Gly Pro Glu Gln Thr Gly Arg Ala Leu Gly Asp
 1280 1285 1290

Gln Ser Asn Val Thr Gly Gln Gly Lys Lys Leu Phe Gly Ser Gly
 1295 1300 1305

Asn Val Ala Ala Thr Leu Gln Arg Pro Arg Pro Ala Asp Pro Met
 1310 1315 1320

Pro Leu Pro Ala Glu Ile Pro Pro Val Phe Pro Ser Gly Lys Leu
 1325 1330 1335

Gly Pro Ser Thr Asn Ser Met Ser Gly Gly Val Gln Thr Pro Arg
 1340 1345 1350

Glu Asp Trp Ala Pro Lys Pro His Ala Phe Val Gly Ser Val Lys
 1355 1360 1365

Asn Glu Lys Thr Phe Val Gly Gly Pro Leu Lys Ala Asn Ala Glu
 1370 1375 1380

Asn Arg Lys Ala Thr Gly His Ser Pro Leu Glu Leu Val Gly His
 1385 1390 1395

Leu Glu Gly Met Pro Phe Val Met Asp Leu Pro Phe Trp Lys Leu
 1400 1405 1410

Pro Arg Glu Pro Gly Lys Gly Leu Ser Glu Pro Leu Glu Pro Ser
 1415 1420 1425

Ser Leu Pro Ser Gln Leu Ser Ile Lys Gln Ala Phe Tyr Gly Lys
 1430 1435 1440

Leu Ser Lys Leu Gln Leu Ser Ser Thr Ser Phe Asn Tyr Ser Ser
 1445 1450 1455

Ser Ser Pro Thr Phe Pro Lys Gly Leu Ala Gly Ser Val Val Gln
 143/201

1460 1465 1470
 Leu Ser His Lys Ala Asn Phe Gly Ala Ser His Ser Ala Ser Leu
 1475 1480 1485
 Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp Ser Ser Thr Val Glu Ser Ile Ser
 1490 1495 1500
 Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu Lys Ala Met Ile Met Cys Gln Gly
 1505 1510 1515
 Cys Gly Ala Phe Cys His Asp Asp Cys Ile Gly Pro Ser Lys Leu
 1520 1525 1530
 Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg
 1535 1540

<210> 49
 <211> 3124
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (313)..(1731)
 <223>

<400> 49
 taagatccac atcagctcaa ctgcacttgc ctcgcagagg cagcccgcctc acttcccgcg 60
 gaggcgctcc ccggcgccgc gctccgcggc agccgcctgc ccccggcgct gccccgccc 120
 gccgcgccgc cgccgcgcgc gcgcacgccg cgccccgcag ctctgggctt cctcttcgcc 180
 cgggtggcgt tgggcccgcg cgggcgctcg ggtgactgca gctgctcage tcccctcccc 240
 cgccccgcgc cgccgcggcg cccgtcgctt cgcacagggc tggatggttg tattgggcag 300
 ggtggctcca gg atg tta gga act gtg aag atg gaa ggg cat gaa acc agc 351
 Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser
 1 5 10
 gac tgg aac agc tac tac gca gac acg cag gag gcc tac tcc tcc gtc 399
 Asp Trp Asn Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val
 144/201

15	20	25	
ccg gtc agc aac atg aac tca ggc ctg ggc tcc atg aac tcc atg aac			447
Pro Val Ser Asn Met Asn Ser Gly Leu Gly Ser Met Asn Ser Met Asn			
30	35	40	45
acc tac atg acc atg aac acc atg act acg agc ggc aac atg acc ccg			495
Thr Tyr Met Thr Met Asn Thr Met Thr Thr Ser Gly Asn Met Thr Pro			
	50	55	60
gcg tcc ttc aac atg tcc tat gcc aac ccg ggc cta ggg gcc ggc ctg			543
Ala Ser Phe Asn Met Ser Tyr Ala Asn Pro Gly Leu Gly Ala Gly Leu			
	65	70	75
agt ccc ggc gca gta gcc ggc atg ccg ggg ggc tcg gcg ggc gcc atg			591
Ser Pro Gly Ala Val Ala Gly Met Pro Gly Gly Ser Ala Gly Ala Met			
	80	85	90
aac agc atg act gcg gcc ggc gtg acg gcc atg ggt acg gcg ctg agc			639
Asn Ser Met Thr Ala Ala Gly Val Thr Ala Met Gly Thr Ala Leu Ser			
	95	100	105
ccg agc ggc atg ggc gcc atg ggt gcg cag cag gcg gcc tcc atg aat			687
Pro Ser Gly Met Gly Ala Met Gly Ala Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn			
110	115	120	125
ggc ctg ggc ccc tac gcg gcc gcc atg aac ccg tgc atg agc ccc atg			735
Gly Leu Gly Pro Tyr Ala Ala Ala Met Asn Pro Cys Met Ser Pro Met			
	130	135	140
gcg tac gcg ccg tcc aac ctg ggc cgc agc cgc gcg ggc ggc ggc ggc			783
Ala Tyr Ala Pro Ser Asn Leu Gly Arg Ser Arg Ala Gly Gly Gly Gly			
	145	150	155
gac gcc aag acg ttc aag cgc agc tac ccg cac gcc aag ccg ccc tac			831
Asp Ala Lys Thr Phe Lys Arg Ser Tyr Pro His Ala Lys Pro Pro Tyr			
	160	165	170
tcg tac atc tcg ctc atc acc atg gcc atc cag cag gcg ccc agc aag			879
Ser Tyr Ile Ser Leu Ile Thr Met Ala Ile Gln Gln Ala Pro Ser Lys			
	175	180	185
atg ctc acg ctg agc gag atc tac cag tgg atc atg gac ctc ttc ccc			927
Met Leu Thr Leu Ser Glu Ile Tyr Gln Trp Ile Met Asp Leu Phe Pro			
190	195	200	205
tat tac cgg cag aac cag cag cgc tgg cag aac tcc atc cgc cac tcg			975
Tyr Tyr Arg Gln Asn Gln Gln Arg Trp Gln Asn Ser Ile Arg His Ser			
	210	215	220

ctg tcc ttc aat gac tgc ttc gtc aag gtg gca cgc tcc ccg gac aag Leu Ser Phe Asn Asp Cys Phe Val Lys Val Ala Arg Ser Pro Asp Lys 225 230 235	1023
ccg ggc aag ggc tcc tac tgg acg ctg cac ccg gac tcc ggc aac atg Pro Gly Lys Gly Ser Tyr Trp Thr Leu His Pro Asp Ser Gly Asn Met 240 245 250	1071
ttc gag aac ggc tgc tac ttg cgc cgc cag aag cgc ttc aag tgc gag Phe Glu Asn Gly Cys Tyr Leu Arg Arg Gln Lys Arg Phe Lys Cys Glu 255 260 265	1119
aag cag ccg ggg gcc ggc ggc ggg ggc ggg agc gga agc ggg ggc agc Lys Gln Pro Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Ser Gly Gly Ser 270 275 280 285	1167
ggc gcc aag ggc ggc cct gag agc cgc aag gac ccc tct ggc gcc tct Gly Ala Lys Gly Gly Pro Glu Ser Arg Lys Asp Pro Ser Gly Ala Ser 290 295 300	1215
aac ccc agc gcc gac tcg ccc ctc cat cgg ggt gtg cac ggg aag acc Asn Pro Ser Ala Asp Ser Pro Leu His Arg Gly Val His Gly Lys Thr 305 310 315	1263
ggc cag cta gag ggc gcg ccg gcc ccc ggg ccc gcc gcc agc ccc cag Gly Gln Leu Glu Gly Ala Pro Ala Pro Gly Pro Ala Ala Ser Pro Gln 320 325 330	1311
act ctg gac cac agt ggg gcg acg gcg aca ggg ggc gcc tcg gag ttg Thr Leu Asp His Ser Gly Ala Thr Ala Thr Gly Gly Ala Ser Glu Leu 335 340 345	1359
aag act cca gcc tcc tca act gcg ccc ccc ata agc tcc ggg ccc ggg Lys Thr Pro Ala Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ile Ser Ser Gly Pro Gly 350 355 360 365	1407
gcg ctg gcc tct gtg ccc gcc tct cac ccg gca cac ggc ttg gca ccc Ala Leu Ala Ser Val Pro Ala Ser His Pro Ala His Gly Leu Ala Pro 370 375 380	1455
cac gag tcc cag ctg cac ctg aaa ggg gac ccc cac tac tcc ttc aac His Glu Ser Gln Leu His Leu Lys Gly Asp Pro His Tyr Ser Phe Asn 385 390 395	1503
cac ccg ttc tcc atc aac aac ctc atg tcc tcc tcg gag cag cag cat His Pro Phe Ser Ile Asn Asn Leu Met Ser Ser Ser Glu Gln Gln His 400 405 410	1551
aag ctg gac ttc aag gca tac gaa cag gca ctg caa tac tcg cct tac Lys Leu Asp Phe Lys Ala Tyr Glu Gln Ala Leu Gln Tyr Ser Pro Tyr 146/201	1599

415	420	425	
ggc tct acg ttg ccc gcc agc ctg cct cta ggc agc gcc tcg gtg acc			1647
Gly Ser Thr Leu Pro Ala Ser Leu Pro Leu Gly Ser Ala Ser Val Thr			
430	435	440	445
acc agg agc ccc atc gag ccc tca gcc ctg gag ccg gcg tac tac caa			1695
Thr Arg Ser Pro Ile Glu Pro Ser Ala Leu Glu Pro Ala Tyr Tyr Gln			
	450	455	460
ggt gtg tat tcc aga ccc gtc cta aac act tcc tag ctccccggac			1741
Gly Val Tyr Ser Arg Pro Val Leu Asn Thr Ser			
	465	470	
tgggggggttt gtctggcata gccatgctgg tagcaagaga gaaaaaatca acagcaaaca			1801
aaaccacaca aaccaaaccg tcaacagcat aataaaatcc caacaactat ttttatttca			1861
tttttcatgc acaacctttc ccccagtgc aaagactggt actttattat tgtattcaaa			1921
attcattgtg tatattacta caaagacaac cccaaaccaa ttttttccct gcgaagttaa			1981
atgatccaca agtgtatata tgaaattctc ctcttccctt gccccctct ctttcttccc			2041
tctttcccct ccagacattc tagtttgtgg agggttattt aaaaaaaca aaaaggaaga			2101
tggtcaagtt tgtaaaatat ttgtttgtgc tttttcccc tccttacctg accccctacg			2161
agtttacagg tctgtggcaa tactcttaac cataagaatt gaaatggtga agaaacaagt			2221
atacactaga ggctcttaaa agtattgaaa gacaatactg ctgttatata gcaagacata			2281
aacagattat aaacatcaga gccatttgct tctcagttaa catttctgat acatgcagat			2341
agcagatgtc tttaaataaa atacatgtat atttgttatg gacttaatta tgcacatgct			2401
cagatgtgta gacatcctcc gtatatttac ataacatata gaggtaatag ataggtgata			2461
tacatgatac attctcaaga gttgcttgac cgaaagttac aaggacccca acccctttgt			2521
cctctctacc cacagatggc cctgggaatc aattcctcag gaattgccct caagaactct			2581
gcttcttgct ttgcagagtg ccatgggtcat gtcattctga ggacacataa cacataaaat			2641
tagtttctat gagtgtatac catttaaaga attttttttt cagtaaaagg gaatattaca			2701
atgttgagg agagataagt tataggagc tggatttcaa aacgtggtcc aagattcaaa			2761
aatcctattg atagtggcca ttttaatcat tgccatcgtg tgcttgtttc atccagtgtt			2821

```

atgcactttc cacagttgga catggtgtta gtatagccag acgggtttca ttattatttc 2881
tctttgcttt ctcaatgtta atttattgca tggtttattc tttttcttta cagctgaaat 2941
tgctttaaat gatggttaaa attacaaatt aaattgttaa tttttatcaa tgtgattgta 3001
attaaaaata ttttgattta aataacaaaa ataataccag attttaagcc gtggaaaatg 3061
ttcttgatca ttgacgtta aggactttaa ataaatcaaa tgtaacaaa aaaaaaaaaa 3121
aaa 3124

```

<210> 50
 <211> 472
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 50

```

Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser Asp Trp Asn
1           5           10           15

```

```

Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val Pro Val Ser
          20           25           30

```

```

Asn Met Asn Ser Gly Leu Gly Ser Met Asn Ser Met Asn Thr Tyr Met
      35           40           45

```

```

Thr Met Asn Thr Met Thr Thr Ser Gly Asn Met Thr Pro Ala Ser Phe
50           55           60

```

```

Asn Met Ser Tyr Ala Asn Pro Gly Leu Gly Ala Gly Leu Ser Pro Gly
65           70           75           80

```

```

Ala Val Ala Gly Met Pro Gly Gly Ser Ala Gly Ala Met Asn Ser Met
          85           90           95

```

```

Thr Ala Ala Gly Val Thr Ala Met Gly Thr Ala Leu Ser Pro Ser Gly
100           105           110

```

```

Met Gly Ala Met Gly Ala Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn Gly Leu Gly
115           120           125

```

Pro Tyr Ala Ala Ala Met Asn Pro Cys Met Ser Pro Met Ala Tyr Ala
 130 135 140

Pro Ser Asn Leu Gly Arg Ser Arg Ala Gly Gly Gly Gly Asp Ala Lys
 145 150 155 160

Thr Phe Lys Arg Ser Tyr Pro His Ala Lys Pro Pro Tyr Ser Tyr Ile
 165 170 175

Ser Leu Ile Thr Met Ala Ile Gln Gln Ala Pro Ser Lys Met Leu Thr
 180 185 190

Leu Ser Glu Ile Tyr Gln Trp Ile Met Asp Leu Phe Pro Tyr Tyr Arg
 195 200 205

Gln Asn Gln Gln Arg Trp Gln Asn Ser Ile Arg His Ser Leu Ser Phe
 210 215 220

Asn Asp Cys Phe Val Lys Val Ala Arg Ser Pro Asp Lys Pro Gly Lys
 225 230 235 240

Gly Ser Tyr Trp Thr Leu His Pro Asp Ser Gly Asn Met Phe Glu Asn
 245 250 255

Gly Cys Tyr Leu Arg Arg Gln Lys Arg Phe Lys Cys Glu Lys Gln Pro
 260 265 270

Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ala Lys
 275 280 285

Gly Gly Pro Glu Ser Arg Lys Asp Pro Ser Gly Ala Ser Asn Pro Ser
 290 295 300

Ala Asp Ser Pro Leu His Arg Gly Val His Gly Lys Thr Gly Gln Leu
 305 310 315 320

150/201

<400> 51

```

agagcgcctgc cgccgccgct ttcgcccggg agccgggggc cgggcgccat catgctgagc      60
cggctcgggg cgctgctgca ggaagccgtg ggggcgcgcg agcccagcat tgacctgctg      120
caggccttcg tggagcactg gaagggcata acgcactact acatcgagag cacagatgaa      180
agcacccccg ccaagaagac agacattccc tggcggctga agcagatgct ggatatcctg      240
gtgtatgaag agcagcagca ggcgccgcgc ggtgaggcag ggccctgcct ggagtacctg      300
ctgcagcaca agatcctgga gactctctgc acgctgggca aggccgagta ccccccaggc      360
atggggcagc aggtgttcca gttcttcagc aaggttctgg cgcaggtgca gcacccccctg      420
ctgcattacc tcagcgtcca caggcctgtg cagaaactcc tccgacttgg tgggactgct      480
tccggatccg ttacagaaaa ggaggaggtg cagttcacca ccgtcctctg ctccaagatc      540
cagcaggacc cagagctgct cgcctacatc ctggaaggta aaaagattgt aggtaggaag      600
aaagcatgcg gagaaccac tgccctgcct aaggacacaa ccagccacgg ggacaaggac      660
tgctcccacg atggtgctcc tgccaggccc cagctggacg gggagtcctg tggggcccag      720
gccttgaaca gccacatgcc tgctgagacc gaggagctgg acggtgggac cacagagagc      780
aacctgatta cctccctgct tgggctgtgc cagagcaaga agagtcgggt ggccttgaag      840
gcccaggaga acctgctgct cctggtgagc atggcctccc cagcagctgc cacctacctg      900
gtacagagca gcgcctgctg ccctgcgata gtcgggcaact ttgccagttg taccggtcc      959

atg cct gtc ttc ctg gac ccc gca gac att gcc acc tta gag ggc atc      1007
Met Pro Val Phe Leu Asp Pro Ala Asp Ile Ala Thr Leu Glu Gly Ile
1           5           10          15

agc tgg agg tta ccc agt gcc ccg tct gat gag gct tcc ttc cct ggc      1055
Ser Trp Arg Leu Pro Ser Ala Pro Ser Asp Glu Ala Ser Phe Pro Gly
          20          25          30

aag gag gcc ttg gct gcc ttc ttg ggc tgg ttt gat tac tgc gac cac      1103
Lys Glu Ala Leu Ala Ala Phe Leu Gly Trp Phe Asp Tyr Cys Asp His
          35          40          45

ctc atc aca gag gca cac acg gtg gtt gcg gac gcc ttg gcg aag gct      1151
Leu Ile Thr Glu Ala His Thr Val Val Ala Asp Ala Leu Ala Lys Ala
          50          55          60

gtg gct gag aac ttc ttc gtg gag acc ctg cag ccc cag ctc ctg cac      1199
151/201

```

Val	Ala	Glu	Asn	Phe	Phe	Val	Glu	Thr	Leu	Gln	Pro	Gln	Leu	Leu	His		
65					70					75					80		
gtg	tcc	gag	cag	agc	atc	ttg	acc	tcc	acc	gcc	ctc	ctc	aca	gcc	atg	1247	
Val	Ser	Glu	Gln	Ser	Ile	Leu	Thr	Ser	Thr	Ala	Leu	Leu	Thr	Ala	Met		
				85					90					95			
ctg	cgc	cag	ctt	cgc	tcc	cct	gcg	ctg	ctg	cgg	gag	gcc	gtg	gct	ttc	1295	
Leu	Arg	Gln	Leu	Arg	Ser	Pro	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Ala	Val	Ala	Phe		
			100					105					110				
ctc	ctg	ggc	aca	gac	cgg	cag	cct	gaa	gcc	ccc	ggg	gac	aac	ccc	cac	1343	
Leu	Leu	Gly	Thr	Asp	Arg	Gln	Pro	Glu	Ala	Pro	Gly	Asp	Asn	Pro	His		
		115					120					125					
acc	ctg	tat	gct	cat	ctc	atc	ggg	cat	tgt	gac	cac	ctc	tct	gat	gag	1391	
Thr	Leu	Tyr	Ala	His	Leu	Ile	Gly	His	Cys	Asp	His	Leu	Ser	Asp	Glu		
	130					135					140						
atc	agc	atc	acc	aca	ctc	cgg	ctg	ttt	gag	gag	ctg	ctg	cag	aag	ccc	1439	
Ile	Ser	Ile	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln	Lys	Pro		
145					150				155					160			
cac	gag	ggg	atc	atc	cac	agc	ctg	gtc	ctg	cgc	aac	ctt	gag	ggc	cgc	1487	
His	Glu	Gly	Ile	Ile	His	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Asn	Leu	Glu	Gly	Arg		
			165					170					175				
cct	tac	gtg	gcc	tgg	ggc	tca	cca	gag	cct	gag	agc	tat	gag	gac	acc	1535	
Pro	Tyr	Val	Ala	Trp	Gly	Ser	Pro	Glu	Pro	Glu	Ser	Tyr	Glu	Asp	Thr		
		180						185					190				
cta	gac	ctg	gag	gaa	gac	ccc	tac	ttc	acc	gac	agc	ttc	ctg	gat	tcc	1583	
Leu	Asp	Leu	Glu	Glu	Asp	Pro	Tyr	Phe	Thr	Asp	Ser	Phe	Leu	Asp	Ser		
		195					200					205					
ggc	ttt	caa	act	ccc	gca	aag	cct	cgc	cta	gct	cct	gct	acc	agt	tac	1631	
Gly	Phe	Gln	Thr	Pro	Ala	Lys	Pro	Arg	Leu	Ala	Pro	Ala	Thr	Ser	Tyr		
	210					215					220						
gat	ggc	aaa	aca	gca	gtg	acc	gag	atc	gtc	aac	agt	ttc	ctg	tgc	ctg	1679	
Asp	Gly	Lys	Thr	Ala	Val	Thr	Glu	Ile	Val	Asn	Ser	Phe	Leu	Cys	Leu		
225					230					235				240			
gtc	ccc	gag	gaa	gcc	aag	acc	tct	gcc	ttc	ctg	gag	gag	aca	ggc	tat	1727	
Val	Pro	Glu	Glu	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Gly	Tyr		
				245				250						255			
gac	aca	tac	gtc	cac	gat	gct	tat	ggc	ctg	ttc	cag	gag	tgc	agc	tcc	1775	
Asp	Thr	Tyr	Val	His	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Phe	Gln	Glu	Cys	Ser	Ser		
			260					265					270				

cgc gtc gcc tcc tgg ggc tgg cct ctg acc ccc aca cct ttg gac ccc	1823
Arg Val Ala Ser Trp Gly Trp Pro Leu Thr Pro Thr Pro Leu Asp Pro	
275 280 285	
cat gag ccc gag cga cct ttc ttc gag ggc cac ttc ctc cga gtg ctg	1871
His Glu Pro Glu Arg Pro Phe Phe Glu Gly His Phe Leu Arg Val Leu	
290 295 300	
ttt gac cgc atg tcc cgg att ctg gat cag cca tac agc ctg aac ctg	1919
Phe Asp Arg Met Ser Arg Ile Leu Asp Gln Pro Tyr Ser Leu Asn Leu	
305 310 315 320	
cag gtg acc tcg gtc ctg tcc cgg ctt gcc ctc ttc ccc cac ccc cat	1967
Gln Val Thr Ser Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu Phe Pro His Pro His	
325 330 335	
att cat gag tac ctg ctg gat ccg tac atc agc ctg gcc ccc ggc tgc	2015
Ile His Glu Tyr Leu Leu Asp Pro Tyr Ile Ser Leu Ala Pro Gly Cys	
340 345 350	
agg agc cta ttc tcc gtg ttg gtg agg gtg atc ggg gac ttg atg cag	2063
Arg Ser Leu Phe Ser Val Leu Val Arg Val Ile Gly Asp Leu Met Gln	
355 360 365	
aga atc cag agg gta ccc cag ttc cca ggc aag ctg ctc ctg gtg cgc	2111
Arg Ile Gln Arg Val Pro Gln Phe Pro Gly Lys Leu Leu Leu Val Arg	
370 375 380	
aag cag ttg acg ggc cag gct cct ggg gag cag ctg gac cac cag acc	2159
Lys Gln Leu Thr Gly Gln Ala Pro Gly Glu Gln Leu Asp His Gln Thr	
385 390 395 400	
ctc ctc cag ggc gtg gtg gtg ctg gag gag ttc tgc aag gag ctg gct	2207
Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala	
405 410 415	
gcc att gcc ttc gtc aag ttt ccc cca cat gat cct cgc cag aac gtc	2255
Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val	
420 425 430	
tcc cca gcc ccg gaa ggg cag gtc tga gccagcacca gggcggtggg	2302
Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val	
435 440	
agactcctgt ccacacctct gccccagagc tgcctcctgc ctggcactgc cgccacactc	2362
ccctcctggg atggggcttc tgctcccggg ctcaactcaag gagactgcgg catgttgacc	2422
acaccagact gggtttcagg gaatgggcat gccaggtgcc aaggagccaa acagatggct	2482

ttccaggcag caaggtcctt ggggccttct tggaggagct tgggtgacag ccagggtgagc 2542
 acccagaccc cagaccctca tgtgctgtgt gcctggcccc ttctgtactg gccatttgtg 2602
 gccagggcca agcctgtgac tcaactccag gggcaagatg gggagtgagc tgatggctcc 2662
 gagactggtc aggagcccag gccagtgaga tggggcctgg agccttgtct gtgtcacatt 2722
 aggtaccatg ggagctgctg agacctgaca ttttgtcccc tgcctacatg gcttggccca 2782
 tggagaagga gcagtgaatg ggatcgctcg ggaagcccct cttcctgctc tgctcccctg 2842
 gaaactgttg caaaactccc agccgcctca tggcaaatgc ccaaagcatg ttccgcaccc 2902
 aggcgggggc ccctgctaata gagaaccttg gtgcagctgc agccaggagg ggagcgggccc 2962
 caggagccag gctcagggtcc agctgggttcc tctctggcgc cttctgaacc cgtctcagca 3022
 ggtccacagc acctgggcag aggtcagaga ccaggggagg ccgggccttg cctccccttc 3082
 tgcccagggc ccagtgttct tgatagaaga cccttctggg gagccaggga gctcagggga 3142
 cagataaggg aaggacgccc cctgactcca ggcccctgag cctggcggga agtggctgcg 3202
 gcccaggcag ccagtcctgg tgggtgttct cctgcatgcc ctccgtggct gggctgccac 3262
 cccacccggc ccgaatctgt cttgacctgc aggaatacac gggcggcgcc aggcattacc 3322
 tcacagcggg actacacagt tgctggcttt gctcctgggc aaggaggagc aggccagagc 3382
 ctcttttget tccttttctt gcccatgccg cttctagaag ccaggcacag gttgccaaga 3442
 ggtgacacga aacaggagga aactcagtga cctctgcctc tcccacattc ctccccgcgg 3502
 gggaggacct cgccgctctg aagagcaccg tgcacatgtg ggtgcacaaa cgtgggtgtt 3562
 ggtgtggacg gggcgcagat ctccgtggat gaactgcgtc tggactctta gattcataaa 3622
 atattcgagg gtttgggagt cacagaccct cccctctcct cagtgcactt tggcatttgc 3682
 acggtgtctt ccccgacag cacagcaata aatgggtgtga ttgcgtggaa aaaaaaaaaa 3742
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3780

<210> 52
 <211> 440
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 52

Met Pro Val Phe Leu Asp Pro Ala Asp Ile Ala Thr Leu Glu Gly Ile
 1 5 10 15

Ser Trp Arg Leu Pro Ser Ala Pro Ser Asp Glu Ala Ser Phe Pro Gly
 20 25 30

Lys Glu Ala Leu Ala Ala Phe Leu Gly Trp Phe Asp Tyr Cys Asp His
 35 40 45

Leu Ile Thr Glu Ala His Thr Val Val Ala Asp Ala Leu Ala Lys Ala
 50 55 60

Val Ala Glu Asn Phe Phe Val Glu Thr Leu Gln Pro Gln Leu Leu His
 65 70 75 80

Val Ser Glu Gln Ser Ile Leu Thr Ser Thr Ala Leu Leu Thr Ala Met
 85 90 95

Leu Arg Gln Leu Arg Ser Pro Ala Leu Leu Arg Glu Ala Val Ala Phe
 100 105 110

Leu Leu Gly Thr Asp Arg Gln Pro Glu Ala Pro Gly Asp Asn Pro His
 115 120 125

Thr Leu Tyr Ala His Leu Ile Gly His Cys Asp His Leu Ser Asp Glu
 130 135 140

Ile Ser Ile Thr Thr Leu Arg Leu Phe Glu Glu Leu Leu Gln Lys Pro
 145 150 155 160

His Glu Gly Ile Ile His Ser Leu Val Leu Arg Asn Leu Glu Gly Arg
 165 170 175

Pro Tyr Val Ala Trp Gly Ser Pro Glu Pro Glu Ser Tyr Glu Asp Thr
 180 185 190

Leu Asp Leu Glu Glu Asp Pro Tyr Phe Thr Asp Ser Phe Leu Asp Ser
 195 200 205

Gly Phe Gln Thr Pro Ala Lys Pro Arg Leu Ala Pro Ala Thr Ser Tyr
 210 215 220

Asp Gly Lys Thr Ala Val Thr Glu Ile Val Asn Ser Phe Leu Cys Leu
 225 230 235 240

Val Pro Glu Glu Ala Lys Thr Ser Ala Phe Leu Glu Glu Thr Gly Tyr
 245 250 255

Asp Thr Tyr Val His Asp Ala Tyr Gly Leu Phe Gln Glu Cys Ser Ser
 260 265 270

Arg Val Ala Ser Trp Gly Trp Pro Leu Thr Pro Thr Pro Leu Asp Pro
 275 280 285

His Glu Pro Glu Arg Pro Phe Phe Glu Gly His Phe Leu Arg Val Leu
 290 295 300

Phe Asp Arg Met Ser Arg Ile Leu Asp Gln Pro Tyr Ser Leu Asn Leu
 305 310 315 320

Gln Val Thr Ser Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu Phe Pro His Pro His
 325 330 335

Ile His Glu Tyr Leu Leu Asp Pro Tyr Ile Ser Leu Ala Pro Gly Cys
 340 345 350

Arg Ser Leu Phe Ser Val Leu Val Arg Val Ile Gly Asp Leu Met Gln
 355 360 365

Arg Ile Gln Arg Val Pro Gln Phe Pro Gly Lys Leu Leu Leu Val Arg
 370 375 380

Lys Gln Leu Thr Gly Gln Ala Pro Gly Glu Gln Leu Asp His Gln Thr
 156/201

[illegible]

80	85	90	
cgg agc gtc agc cct ctc ctg agt acc cac gtc cta ggg aag gag aag			397
Arg Ser Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys			
95	100	105	110
atc gcc agc atg ctg ccg gag cag ctc tac ttc ctg cag agc ccc ccg			445
Ile Ala Ser Met Leu Pro Glu Gln Leu Tyr Phe Leu Gln Ser Pro Pro			
	115	120	125
gag gag gag ccc gaa tac cac ccc gac gcc tca gcc caa gaa tca ttt			493
Glu Glu Glu Pro Glu Tyr His Pro Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ser Phe			
	130	135	140
gct gtt tca aat aga gaa ctg tgc gat gat gag aaa gag ttc ata cat			541
Ala Val Ser Asn Arg Glu Leu Cys Asp Asp Glu Lys Glu Phe Ile His			
	145	150	155
ttt cca gta tgt gag ggg acc tct caa cct gaa ccc tcg tgt tca gct			589
Phe Pro Val Cys Glu Gly Thr Ser Gln Pro Glu Pro Ser Cys Ser Ala			
	160	165	170
gtc aga ata aca gcc aat aaa aac tac agg agc aaa acc tct cag gaa			637
Val Arg Ile Thr Ala Asn Lys Asn Tyr Arg Ser Lys Thr Ser Gln Glu			
	175	180	185
ggt gct tta aaa aag atg cat gag gaa gaa cac cat caa caa atg tcc			685
Gly Ala Leu Lys Lys Met His Glu Glu Glu His His Gln Gln Met Ser			
	195	200	205
atc tta caa ctg caa ctg ata caa atg aat gag gtg cat gtg gcc aaa			733
Ile Leu Gln Leu Gln Leu Ile Gln Met Asn Glu Val His Val Ala Lys			
	210	215	220
atc cag cag ata gag cga gag tgt gag atg gca gag gag gaa cac agg			781
Ile Gln Gln Ile Glu Arg Glu Cys Glu Met Ala Glu Glu Glu His Arg			
	225	230	235
ata aaa atg gaa gtt ctc aat aaa aag aag atg tat tgg gaa aga aaa			829
Ile Lys Met Glu Val Leu Asn Lys Lys Lys Met Tyr Trp Glu Arg Lys			
	240	245	250
cta caa act ttt acc aag gaa tgg cct gtt tcc tca ttt aac cgg ccc			877
Leu Gln Thr Phe Thr Lys Glu Trp Pro Val Ser Ser Phe Asn Arg Pro			
	255	260	265
ttt ccc aat tcg ccc taa gactttgggg gtggtctctct tgtaattaat			925
Phe Pro Asn Ser Pro			
	275		

ctgtgttggc aaagaatgtc tggaacatgg acttggcggc cagtaacctg taacagagct 985
 acaactagga aaattagagt ggtagtagtc acttatttaa gaattcattc aggtaaacag 1045
 ctgcaccctc tgtacccctt aagtggcaaa gaagctgtta tagtccttctg aaaattatca 1105
 ctatgagtgc tataattctg aatataatgt ctcttaatta gaattcatac aagaaaaaaaa 1165
 aaaaaaaaaa 1175

<210> 54
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 54

Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser Glu Leu
 1 5 10 15

Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr Val Leu
 20 25 30

Glu Cys Lys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln Arg Thr
 35 40 45

Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val Ser Leu
 50 55 60

Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys Ala Arg
 65 70 75 80

Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys Arg Ser
 85 90 95

Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys Ile Ala
 100 105 110

Ser Met Leu Pro Glu Gln Leu Tyr Phe Leu Gln Ser Pro Pro Glu Glu
 115 120 125

Glu Pro Glu Tyr His Pro Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ser Phe Ala Val
 130 135 140

Ser Asn Arg Glu Leu Cys Asp Asp Glu Lys Glu Phe Ile His Phe Pro
 145 150 155 160

Val Cys Glu Gly Thr Ser Gln Pro Glu Pro Ser Cys Ser Ala Val Arg
 165 170 175

Ile Thr Ala Asn Lys Asn Tyr Arg Ser Lys Thr Ser Gln Glu Gly Ala
 180 185 190

Leu Lys Lys Met His Glu Glu Glu His His Gln Gln Met Ser Ile Leu
 195 200 205

Gln Leu Gln Leu Ile Gln Met Asn Glu Val His Val Ala Lys Ile Gln
 210 215 220

Gln Ile Glu Arg Glu Cys Glu Met Ala Glu Glu Glu His Arg Ile Lys
 225 230 235 240

Met Glu Val Leu Asn Lys Lys Lys Met Tyr Trp Glu Arg Lys Leu Gln
 245 250 255

Thr Phe Thr Lys Glu Trp Pro Val Ser Ser Phe Asn Arg Pro Phe Pro
 260 265 270

Asn Ser Pro
 275

<210> 55
 <211> 1988
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (12).. (1805)
 <223>

<400> 55

cctccgggaa g atg gcg gcc gtg cag gcg gcc gag gtg aaa gtg gat ggc 50
 Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly
 1 5 10

agc gag ccg aaa ctg agc aag aat gag ctg aag aga cgc ctg aaa gct 98
 Ser Glu Pro Lys Leu Ser Lys Asn Glu Leu Lys Arg Arg Leu Lys Ala
 15 20 25

gag aag aaa gta gca gag aag gag gcc aaa cag aag gag ctc agt gag 146
 Glu Lys Lys Val Ala Glu Lys Glu Ala Lys Gln Lys Glu Leu Ser Glu
 30 35 40 45

aaa cag cta agc caa gcc act gct gct gcc acc aac cac acc act gat 194
 Lys Gln Leu Ser Gln Ala Thr Ala Ala Thr Asn His Thr Thr Asp
 50 55 60

aat ggt gtg ggt cct gag gaa gag agc gtg gac cca aat caa tac tac 242
 Asn Gly Val Gly Pro Glu Glu Glu Ser Val Asp Pro Asn Gln Tyr Tyr
 65 70 75

aaa atc cgc agt caa gca att cat cag ctg aag gtc aat ggg gaa gac 290
 Lys Ile Arg Ser Gln Ala Ile His Gln Leu Lys Val Asn Gly Glu Asp
 80 85 90

cca tac cca cac aag ttc cat gta gac atc tca ctc act gac ttc atc 338
 Pro Tyr Pro His Lys Phe His Val Asp Ile Ser Leu Thr Asp Phe Ile
 95 100 105

caa aaa tat agt cac ctg cag cct ggg gat cac ctg act gac atc acc 386
 Gln Lys Tyr Ser His Leu Gln Pro Gly Asp His Leu Thr Asp Ile Thr
 110 115 120 125

tta aag gtg gca ggt agg atc cat gcc aaa aga gct tct ggg gga aag 434
 Leu Lys Val Ala Gly Arg Ile His Ala Lys Arg Ala Ser Gly Gly Lys
 130 135 140

ctc atc ttc tat gat ctt cga gga gag ggg gtg aag ttg caa gtc atg 482
 Leu Ile Phe Tyr Asp Leu Arg Gly Glu Gly Val Lys Leu Gln Val Met
 145 150 155

gcc aat tcc aga aat tat aaa tca gaa gaa gaa ttt att cat att aat 530
 Ala Asn Ser Arg Asn Tyr Lys Ser Glu Glu Glu Phe Ile His Ile Asn
 160 165 170

aac aaa ctg cgt cgg gga gac ata att gga gtt cag ggg aat cct ggt 578
 Asn Lys Leu Arg Arg Gly Asp Ile Ile Gly Val Gln Gly Asn Pro Gly
 175 180 185

aaa acc aag aag ggt gag ctg agc atc att ccg tat gag atc aca ctg 626
 161/201

Lys Thr Lys Lys Gly Glu Leu Ser Ile Ile Pro Tyr Glu Ile Thr Leu	
190 195 200 205	
ctg tct ccc tgt ttg cat atg tta cct cat ctt cac ttt ggc ctc aaa	674
Leu Ser Pro Cys Leu His Met Leu Pro His Leu His Phe Gly Leu Lys	
210 215 220	
gac aag gaa aca agg tat cgc cag aga tac ttg gac ttg atc ctg aat	722
Asp Lys Glu Thr Arg Tyr Arg Gln Arg Tyr Leu Asp Leu Ile Leu Asn	
225 230 235	
gac ttt gtg agg cag aaa ttt atc atc cgc tct aag atc atc aca tat	770
Asp Phe Val Arg Gln Lys Phe Ile Ile Arg Ser Lys Ile Ile Thr Tyr	
240 245 250	
ata aga agt ttc tta gat gag ctg gga ttc cta gag att gaa act ccc	818
Ile Arg Ser Phe Leu Asp Glu Leu Gly Phe Leu Glu Ile Glu Thr Pro	
255 260 265	
atg atg aac atc atc cca ggg gga gcc gtg gcc aag cct ttc atc act	866
Met Met Asn Ile Ile Pro Gly Gly Ala Val Ala Lys Pro Phe Ile Thr	
270 275 280 285	
tat cac aac gag ctg gac atg aac tta tat atg aga att gct cca gaa	914
Tyr His Asn Glu Leu Asp Met Asn Leu Tyr Met Arg Ile Ala Pro Glu	
290 295 300	
ctc tat cat aag atg ctt gtg gtt ggt ggc atc gac cgg gtt tat gaa	962
Leu Tyr His Lys Met Leu Val Val Gly Gly Ile Asp Arg Val Tyr Glu	
305 310 315	
att gga cgc cag ttc cgg aat gag ggg att gat ttg acg cac aat cct	1010
Ile Gly Arg Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr His Asn Pro	
320 325 330	
gag ttc acc acc tgt gag ttc tac atg gcc tat gca gac tat cac gat	1058
Glu Phe Thr Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Ala Asp Tyr His Asp	
335 340 345	
ctc atg gaa atc acg gag aag atg gtt tca ggg atg gtg aag cat att	1106
Leu Met Glu Ile Thr Glu Lys Met Val Ser Gly Met Val Lys His Ile	
350 355 360 365	
aca ggc agt tac aag gtc acc tac cac cca gat ggc cca gag ggc caa	1154
Thr Gly Ser Tyr Lys Val Thr Tyr His Pro Asp Gly Pro Glu Gly Gln	
370 375 380	
gcc tac gat gtt gac ttc acc cca ccc ttc cgg cga atc aac atg gta	1202
Ala Tyr Asp Val Asp Phe Thr Pro Pro Phe Arg Arg Ile Asn Met Val	
385 390 395	

gaa gag ctt gag aaa gcc ctg ggg atg aag ctg cca gaa acg aac ctc Glu Glu Leu Glu Lys Ala Leu Gly Met Lys Leu Pro Glu Thr Asn Leu 400 405 410	1250
ttt gaa act gaa gaa act cgc aaa att ctt gat gat atc tgt gtg gca Phe Glu Thr Glu Glu Thr Arg Lys Ile Leu Asp Asp Ile Cys Val Ala 415 420 425	1298
aaa gct gtt gaa tgc cct cca cct cgg acc aca gcc agg ctc ctt gac Lys Ala Val Glu Cys Pro Pro Pro Arg Thr Thr Ala Arg Leu Leu Asp 430 435 440 445	1346
aag ctt gtt ggg gag ttc ctg gaa gtg act tgc atc aat cct aca ttc Lys Leu Val Gly Glu Phe Leu Glu Val Thr Cys Ile Asn Pro Thr Phe 450 455 460	1394
atc tgt gat cac cca cag ata atg agc cct ttg gct aaa tgg cac cgc Ile Cys Asp His Pro Gln Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp His Arg 465 470 475	1442
tct aaa gag ggt ctg act gag cgc ttt gag ctg ttt gtc atg aag aaa Ser Lys Glu Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Met Lys Lys 480 485 490	1490
gag ata tgc aat gcg tat act gag ctg aat gat ccc atg cgg cag cgg Glu Ile Cys Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Met Arg Gln Arg 495 500 505	1538
cag ctt ttt gaa gaa cag gcc aag gcc aag gct gca ggt gat gat gag Gln Leu Phe Glu Glu Gln Ala Lys Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Glu 510 515 520 525	1586
gcc atg ttc ata gat gaa aac ttc tgt act gcc ctg gaa tat ggg ctg Ala Met Phe Ile Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr Gly Leu 530 535 540	1634
ccc ccc aca gct ggc tgg ggc atg ggc att gat cga gtc gcc atg ttt Pro Pro Thr Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe 545 550 555	1682
ctc acg gac tcc aac aac atc aag gaa gta ctt ctg ttt cct gcc atg Leu Thr Asp Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met 560 565 570	1730
aaa ccc gaa gac aag aag gag aat gta gca acc act gat aca ctg gaa Lys Pro Glu Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu 575 580 585	1778
agc aca aca gtt ggc act tct gtc tag aaaataataa ttgcaagttg 163/201	1825

Ser Thr Thr Val Gly Thr Ser Val
590 595

tataactcag gcgtctttgc atttctgcga aagatcaagg tctgcaaggg aattcttgtg 1885
tgctgctttc catttgacac cgcagttctg ttcagccatc agaagagaga caaggaatta 1945
aaaatttctt tttaatcctg ttaccaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1988

<210> 56
<211> 597
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 56

Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Lys Leu Ser Lys Asn Glu Leu Lys Arg Arg Leu Lys Ala Glu Lys Lys
20 25 30

Val Ala Glu Lys Glu Ala Lys Gln Lys Glu Leu Ser Glu Lys Gln Leu
35 40 45

Ser Gln Ala Thr Ala Ala Ala Thr Asn His Thr Thr Asp Asn Gly Val
50 55 60

Gly Pro Glu Glu Glu Ser Val Asp Pro Asn Gln Tyr Tyr Lys Ile Arg
65 70 75 80

Ser Gln Ala Ile His Gln Leu Lys Val Asn Gly Glu Asp Pro Tyr Pro
85 90 95

His Lys Phe His Val Asp Ile Ser Leu Thr Asp Phe Ile Gln Lys Tyr
100 105 110

Ser His Leu Gln Pro Gly Asp His Leu Thr Asp Ile Thr Leu Lys Val
115 120 125

Ala Gly Arg Ile His Ala Lys Arg Ala Ser Gly Gly Lys Leu Ile Phe
164/201

130 135 140
 Tyr Asp Leu Arg Gly Glu Gly Val Lys Leu Gln Val Met Ala Asn Ser
 145 150 155 160
 Arg Asn Tyr Lys Ser Glu Glu Glu Phe Ile His Ile Asn Asn Lys Leu
 165 170 175
 Arg Arg Gly Asp Ile Ile Gly Val Gln Gly Asn Pro Gly Lys Thr Lys
 180 185 190
 Lys Gly Glu Leu Ser Ile Ile Pro Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Ser Pro
 195 200 205
 Cys Leu His Met Leu Pro His Leu His Phe Gly Leu Lys Asp Lys Glu
 210 215 220
 Thr Arg Tyr Arg Gln Arg Tyr Leu Asp Leu Ile Leu Asn Asp Phe Val
 225 230 235 240
 Arg Gln Lys Phe Ile Ile Arg Ser Lys Ile Ile Thr Tyr Ile Arg Ser
 245 250 255
 Phe Leu Asp Glu Leu Gly Phe Leu Glu Ile Glu Thr Pro Met Met Asn
 260 265 270
 Ile Ile Pro Gly Gly Ala Val Ala Lys Pro Phe Ile Thr Tyr His Asn
 275 280 285
 Glu Leu Asp Met Asn Leu Tyr Met Arg Ile Ala Pro Glu Leu Tyr His
 290 295 300
 Lys Met Leu Val Val Gly Gly Ile Asp Arg Val Tyr Glu Ile Gly Arg
 305 310 315 320
 Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr His Asn Pro Glu Phe Thr
 325 330 335

Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Ala Asp Tyr His Asp Leu Met Glu
 340 345 350

Ile Thr Glu Lys Met Val Ser Gly Met Val Lys His Ile Thr Gly Ser
 355 360 365

Tyr Lys Val Thr Tyr His Pro Asp Gly Pro Glu Gly Gln Ala Tyr Asp
 370 375 380

Val Asp Phe Thr Pro Pro Phe Arg Arg Ile Asn Met Val Glu Glu Leu
 385 390 395 400

Glu Lys Ala Leu Gly Met Lys Leu Pro Glu Thr Asn Leu Phe Glu Thr
 405 410 415

Glu Glu Thr Arg Lys Ile Leu Asp Asp Ile Cys Val Ala Lys Ala Val
 420 425 430

Glu Cys Pro Pro Pro Arg Thr Thr Ala Arg Leu Leu Asp Lys Leu Val
 435 440 445

Gly Glu Phe Leu Glu Val Thr Cys Ile Asn Pro Thr Phe Ile Cys Asp
 450 455 460

His Pro Gln Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp His Arg Ser Lys Glu
 465 470 475 480

Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Met Lys Lys Glu Ile Cys
 485 490 495

Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Met Arg Gln Arg Gln Leu Phe
 500 505 510

Glu Glu Gln Ala Lys Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Glu Ala Met Phe
 515 520 525

Ile Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr Gly Leu Pro Pro Thr
 166/201

530

535

540

Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe Leu Thr Asp
 545 550 555 560

Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met Lys Pro Glu
 565 570 575

Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu Ser Thr Thr
 580 585 590

Val Gly Thr Ser Val
 595

<210> 57
 <211> 763
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400> 57
 ggggctaaac ctagccccaa acccactcca ccttactacc agacaacctt agccaaacca 60
 ttaccctaaa taaagtatag gcgatagaaa ttgaaacctg gcgcaataga tatagtaccg 120
 caagggaag atgaaaaatt ataaccaagc ataatatagc aaggactaac ccctatacct 180
 tctgcataat gaattacta gaaataactt tgcaaggaga gccaaagcta agacccccga 240
 aaccagacga gctacctaag aacagctaaa agagcacacc cgtctatgta gcaaaatagt 300
 gggaagattt ataggtagag gcgacaaacc taccgagcct ggtgatagct ggttgtccaa 360
 gatagaatct tagttcaact ttaaatttgc ccacagaacc ctctaaatcc ccttgtaaatt 420
 ttaactgtta gtccaaagag gaacagctct ttggacacta ggaaaaaacc ttgtagagag 480
 agtaaaaaat ttaacaccca tagtaggcct aaaagcagcc accaattaag aaagcgttca 540
 agctcaacac ccactaccta aaaaatccca aacatataac tgaactcctc acaccaatt 600
 ggaccaatct atcacctat agaagaacta atgttagtat aagtaacatg aaaacattct 660
 cctccgcata agcctgcgtc agattaaaac actgaactga caattaacag cccaatatct 720
 acaatcaacc cacaagtcatt tattaccctc actgtcaacc caa 763

<210> 58
 <211> 1575
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (196)..(834)
 <223>

<400> 58
 ctcttcccgg ctccagctcc gccgccagct ccagcctttg ctccccctcc caaagtcgcc 60
 tccccggagc ggagcgcacc tagggtcctt cttccgtccc cccagcccag ctacccggtc 120
 agaccagcag cctcgggggg ccccccccg ccagcctgcc tccctcccgc tcagccctgc 180
 cagggttccc cagcc atg aat ctc ttc cga ttc ctg gga gac ctc tcc cac 231
 Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His
 1 5 10
 ctc ctc gcc atc atc ttg cta ctg ctc aaa atc tgg aag tcc cgc tcg 279
 Leu Leu Ala Ile Ile Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser
 15 20 25
 tgc gcc gga att tca ggg aag agc cag gtc ctg ttt gct gtg gtg ttc 327
 Cys Ala Gly Ile Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe
 30 35 40
 act gcc cga tat ctg gac ctc ttc acc aac tac atc tca ctc tac aac 375
 Thr Ala Arg Tyr Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn
 45 50 55 60
 acg tgt atg aag gtg gtc tac ata gcc tgc tcc ttc acc acg gtc tgg 423
 Thr Cys Met Lys Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp
 65 70 75
 ttg att tat agc aag ttc aaa gct act tac gat ggg aac cat gac acg 471
 Leu Ile Tyr Ser Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr
 80 85 90
 ttc aga gtg gag ttc ctg gtc gtt ccc aca gcc att ctg gcg ttc ctg 519
 Phe Arg Val Glu Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu
 95 100 105
 gtc aat cat gac ttc acc cct ctg gag atc ctc tgg acc ttc tcc atc 567
 Val Asn His Asp Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile
 110 115 120

<210> 59
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 59

Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His Leu Leu Ala Ile
 1 5 10 15

Ile Leu Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser Cys Ala Gly Ile
 20 25 30

Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe Thr Ala Arg Tyr
 35 40 45

Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn Thr Cys Met Lys
 50 55 60

Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp Leu Ile Tyr Ser
 65 70 75 80

Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr Phe Arg Val Glu
 85 90 95

Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu Val Asn His Asp
 100 105 110

Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile Tyr Leu Glu Ser
 115 120 125

Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys Thr Gly Glu Ala
 130 135 140

Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly Val Tyr Arg Thr
 145 150 155 160

Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe Glu Gly Phe Phe
 170/201

165 170 175

Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr Val Leu Tyr Cys
180 185 190

Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys Gly Lys Lys Leu
195 200 205

Ser Leu Pro Ala
210

$\langle 210 \rangle$	60
$\langle 211 \rangle$	2245
$\langle 212 \rangle$	DNA
$\langle 213 \rangle$	Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (157).. (1110)
 <223>

[illegible]

cag gcg agg cgg tcg acg ctc ctg aaa act tgc gcg cgc gct cgc gcc	414
Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr Cys Ala Arg Ala Arg Ala	
75 80 85	
act gcg ccc gga gcg atg aag atg gtc gcg ccc tgg acg cgg ttc tac	462
Thr Ala Pro Gly Ala Met Lys Met Val Ala Pro Trp Thr Arg Phe Tyr	
90 95 100	
tcc aac agc tgc tgc ttg tgc tgc cat gtc cgc acc ggc acc atc ctg	510
Ser Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val Arg Thr Gly Thr Ile Leu	
105 110 115	
ctc ggc gtc tgg tat ctg atc atc aat gct gtg gta ctg ttg att tta	558
Leu Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala Val Val Leu Leu Ile Leu	
120 125 130	
ttg agt gcc ctg gct gat ccg gat cag tat aac ttt tca agt tct gaa	606
Leu Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr Asn Phe Ser Ser Ser Glu	
135 140 145 150	
ctg gga ggt gac ttt gag ttc atg gat gat gcc aac atg tgc att gcc	654
Leu Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp Ala Asn Met Cys Ile Ala	
155 160 165	
att gcg att tct ctt ctc atg atc ctg ata tgt gct atg gct act tac	702
Ile Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile Cys Ala Met Ala Thr Tyr	
170 175 180	
gga gcg tac aag caa cgc gca gcc tgg atc atc cca ttc ttc tgt tac	750
Gly Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile Ile Pro Phe Phe Cys Tyr	
185 190 195	
cag atc ttt gac ttt gcc ctg aac atg ttg gtt gca atc act gtg ctt	798
Gln Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu Val Ala Ile Thr Val Leu	
200 205 210	
att tat cca aac tcc att cag gaa tac ata cgg caa ctg cct cct aat	846
Ile Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile Arg Gln Leu Pro Pro Asn	
215 220 225 230	
ttt ccc tac aga gat gat gtc atg tca gtg aat cct acc tgt ttg gtc	894
Phe Pro Tyr Arg Asp Asp Val Met Ser Val Asn Pro Thr Cys Leu Val	
235 240 245	
ctt att att ctt ctg ttt att agc att atc ttg act ttt aag ggt tac	942
Leu Ile Ile Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ile Leu Thr Phe Lys Gly Tyr	
250 255 260	
ttg att agc tgt gtt tgg aac tgc tac cga tac atc aat ggt agg aac	990
Leu Ile Ser Cys Val Trp Asn Cys Tyr Arg Tyr Ile Asn Gly Arg Asn	
172/201	

265	270	275	
tcc tct gat gtc ctg gtt tat gtt acc agc aat gac act acg gtg ctg			1038
Ser Ser Asp Val Leu Val Tyr Val Thr Ser Asn Asp Thr Thr Val Leu			
280	285	290	
cta ccc ccg tat gat gat gcc act gtg aat ggt gct gcc aag gag cca			1086
Leu Pro Pro Tyr Asp Asp Ala Thr Val Asn Gly Ala Ala Lys Glu Pro			
295	300	305	310
ccg cca cct tac gtg tct gcc taa gccttcaagt gggcggagct gagggcagca			1140
Pro Pro Pro Tyr Val Ser Ala			
315			
gcttgacttt gcagacatct gagcaatagt tctgttat ttt cacttttgcc atgagcctct			1200
ctgagcttgt ttgttgctga aatgctactt tttaaaattt agatgttaga ttgaaaactg			1260
tagttttcaa catatgcttt gctggaacac tgtgatagat taactgtaga attcttcctg			1320
tacgattggg gatataatgg gcttcaactaa ccttccttag gcattgaaac ttcccccaaa			1380
tctgatggac ctagaagtct gcttttgtac ctgctgggcc ccaaagttgg gcatttttct			1440
ctctgttccc tctcttttga aaatgtaaaa taaaaccaa aatagacaac tttttcttca			1500
gccattccag catagagaac aaaaccttat ggaaacagga atgtcaattg tgtaatcatt			1560
gttctaatta ggtaaataga agtccttatg tatgtgttac aagaatttcc cccacaacat			1620
cctttatgac tgaagttcaa tgacagtttg tgtttgggtg taaaggattt tctccatggc			1680
ctgaattaag accattagaa agcaccagge cgtgggagca gtgaccatct gctgactgtt			1740
cttgtggatc ttgtgtccag ggacatgggg tgacatgcct cgtatgtgtt agagggtgga			1800
atggatgtgt ttggcgtgc atgggatctg gtgcccctct tctcctggat tcacatcccc			1860
accaggggcc cgtttttact aagtgttctg ccctagattg gttcaaggag gtcattccaac			1920
tgactttatc gagggtgaatt gggatatatt tgatatactt ctgcctaaca acatggaaaa			1980
gggttttctt ttccctgcaa gctacatcct actgctttga acttccaagt atgtctagtc			2040
accttttaaa atgtaaacad tttcagaaaa atgaggattg ccttccttgt atgcgctttt			2100
taccttgact acctgaattg caagggattt ttatatattc atatgttaca aagtcagcaa			2160
ctctcctgtt gggttcattat tgaatgtgct gtaaattaag ttgtttgcaa ttaaaacaag			2220

gtttgcccac aaaaaaaaaa aaaaaa

2245

<210> 61
 <211> 317
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 61

Met Thr Ser Arg Thr Arg Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu
 1 5 10 15

Pro Val Pro Ala Ala Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp
 20 25 30

Pro Ala Glu Ala Arg Ser Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg
 35 40 45

Ala His Gly Arg Ala Gly Arg Glu Pro Glu Arg Arg Arg Ser Arg Gln
 50 55 60

Gln Arg Arg Gly Gly Leu Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr
 65 70 75 80

Cys Ala Arg Ala Arg Ala Thr Ala Pro Gly Ala Met Lys Met Val Ala
 85 90 95

Pro Trp Thr Arg Phe Tyr Ser Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val
 100 105 110

Arg Thr Gly Thr Ile Leu Leu Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala
 115 120 125

Val Val Leu Leu Ile Leu Leu Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr
 130 135 140

Asn Phe Ser Ser Ser Glu Leu Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp
 145 150 155 160

Ala Asn Met Cys Ile Ala Ile Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile
 165 170 175

Cys Ala Met Ala Thr Tyr Gly Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile
 180 185 190

Ile Pro Phe Phe Cys Tyr Gln Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu
 195 200 205

Val Ala Ile Thr Val Leu Ile Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile
 210 215 220

Arg Gln Leu Pro Pro Asn Phe Pro Tyr Arg Asp Asp Val Met Ser Val
 225 230 235 240

Asn Pro Thr Cys Leu Val Leu Ile Ile Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ile
 245 250 255

Leu Thr Phe Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Cys Val Trp Asn Cys Tyr Arg
 260 265 270

Tyr Ile Asn Gly Arg Asn Ser Ser Asp Val Leu Val Tyr Val Thr Ser
 275 280 285

Asn Asp Thr Thr Val Leu Leu Pro Pro Tyr Asp Asp Ala Thr Val Asn
 290 295 300

Gly Ala Ala Lys Glu Pro Pro Pro Pro Tyr Val Ser Ala
 305 310 315

<210> 62
 <211> 1453
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (65)..(1057)
 <223>

<400> 62
ggctgccgga gggcgggagg caggagcggg ccaggagctg ctgggctgga gcggcggcgc 60
cgcc atg tcc gac agc gag aag ctc aac ctg gac tcg atc atc ggg cgc 109
Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg
1 5 10 15
ctg ctg gaa gtg cag ggc tcg cgg cct ggc aag aat gta cag ctg aca 157
Leu Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr
20 25 30
gag aac gag atc cgc ggt ctg tgc ctg aaa tcc cgg gag att ttt ctg 205
Glu Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu
35 40 45
agc cag ccc att ctt ctg gag ctg gag gca ccc ctc aag atc tgc ggt 253
Ser Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly
50 55 60
gac ata cac ggc cag tac tac gac ctt ctg cga cta ttt gag tat ggc 301
Asp Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly
65 70 75
ggt ttc cct ccc gag agc aac tac ctc ttt ctg ggg gac tat gtg gac 349
Gly Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp
80 85 90 95
agg ggc aag cag tcc ttg gag acc atc tgc ctg ctg ctg gcc tat aag 397
Arg Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys
100 105 110
atc aag tac ccc gag aac ttc ttc ctg ctc cgt ggg aac cac gag tgt 445
Ile Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys
115 120 125
gcc agc atc aac cgc atc tat ggt ttc tac gat gag tgc aag aga cgc 493
Ala Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg
130 135 140
tac aac atc aaa ctg tgg aaa acc ttc act gac tgc ttc aac tgc ctg 541
Tyr Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu
145 150 155
ccc atc gcg gcc ata gtg gac gaa aag atc ttc tgc tgc cac gga ggc 589
Pro Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly
160 165 170 175
ctg tcc ccg gac ctg cag tct atg gag cag att cgg cgg atc atg cgg 637
Leu Ser Pro Asp Leu Gln Ser Met Glu Gln Ile Arg Arg Ile Met Arg
180 185 190

ccc aca gat gtg cct gac cag ggc ctg ctg tgt gac ctg ctg tgg tct 685
Pro Thr Asp Val Pro Asp Gln Gly Leu Leu Cys Asp Leu Leu Trp Ser
195 200 205

gac cct gac aag gac gtg cag ggc tgg ggc gag aac gac cgt ggc gtc 733
Asp Pro Asp Lys Asp Val Gln Gly Trp Gly Glu Asn Asp Arg Gly Val
210 215 220

tct ttt acc ttt gga gcc gag gtg gtg gcc aag ttc ctc cac aag cac 781
Ser Phe Thr Phe Gly Ala Glu Val Val Ala Lys Phe Leu His Lys His
225 230 235

gac ttg gac ctc atc tgc cga gca cac cag gtg gta gaa gac ggc tac 829
Asp Leu Asp Leu Ile Cys Arg Ala His Gln Val Val Glu Asp Gly Tyr
240 245 250 255

gag ttc ttt gcc aag cgg cag ctg gtg aca ctt ttc tca gct ccc aac 877
Glu Phe Phe Ala Lys Arg Gln Leu Val Thr Leu Phe Ser Ala Pro Asn
260 265 270

tac tgt ggc gag ttt gac aat gct ggc gcc atg atg agt gtg gac gag 925
Tyr Cys Gly Glu Phe Asp Asn Ala Gly Ala Met Met Ser Val Asp Glu
275 280 285

acc ctc atg tgc tct ttc cag atc ctc aag ccc gcc gac aag aac aag 973
Thr Leu Met Cys Ser Phe Gln Ile Leu Lys Pro Ala Asp Lys Asn Lys
290 295 300

ggg aag tac ggg cag ttc agt ggc ctg aac cct gga ggc cga ccc atc 1021
Gly Lys Tyr Gly Gln Phe Ser Gly Leu Asn Pro Gly Gly Arg Pro Ile
305 310 315

acc cca ccc cgc aat tcc gcc aaa gcc aag aaa tag cccccgcaca 1067
Thr Pro Pro Arg Asn Ser Ala Lys Ala Lys Lys
320 325 330

ccaccctgtg cccagatga tggattgatt gtacagaaat catgctgcca tgctgggggg 1127

gggtcacccc gaccctcag gccacctgt cacggggaac atggagcctt ggtgtatattt 1187

tcttttcttt ttttaatgaa tcaatagcag cgtccagtcc cccagggtg cttcctgcct 1247

gcacctgagg tgactgtgag caggatcctg gggccgaggc tgcagctcag ggcaacggca 1307

ggccaggtcg tgggtctcca gccgtgcttg gcctcagggc tggcagccgg atcctggggc 1367

aaccatctg gtctcttgaa taaaggtcaa agctggattc tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1427

aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1453

<210> 63
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg Leu
 1 5 10 15

Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr Glu
 20 25 30

Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu Ser
 35 40 45

Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly Asp
 50 55 60

Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly Gly
 65 70 75 80

Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp Arg
 85 90 95

Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys Ile
 100 105 110

Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys Ala
 115 120 125

Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg Tyr
 130 135 140

Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu Pro
 145 150 155 160

Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly Leu
 178/201

	165		170		175
Ser Pro Asp Leu Gln Ser Met Glu Gln Ile Arg Arg Ile Met Arg Pro	180	185	190		
Thr Asp Val Pro Asp Gln Gly Leu Leu Cys Asp Leu Leu Trp Ser Asp	195	200	205		
Pro Asp Lys Asp Val Gln Gly Trp Gly Glu Asn Asp Arg Gly Val Ser	210	215	220		
Phe Thr Phe Gly Ala Glu Val Val Ala Lys Phe Leu His Lys His Asp	225	230	235	240	
Leu Asp Leu Ile Cys Arg Ala His Gln Val Val Glu Asp Gly Tyr Glu	245	250	255		
Phe Phe Ala Lys Arg Gln Leu Val Thr Leu Phe Ser Ala Pro Asn Tyr	260	265	270		
Cys Gly Glu Phe Asp Asn Ala Gly Ala Met Met Ser Val Asp Glu Thr	275	280	285		
Leu Met Cys Ser Phe Gln Ile Leu Lys Pro Ala Asp Lys Asn Lys Gly	290	295	300		
Lys Tyr Gly Gln Phe Ser Gly Leu Asn Pro Gly Gly Arg Pro Ile Thr	305	310	315	320	
Pro Pro Arg Asn Ser Ala Lys Ala Lys Lys	325	330			

<210> 64
 <211> 1591
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS

<222> (44)..(814)

<223>

<400> 64

```

ccctgcgtct ctgcccgcgc cgtggcgccc gagtgcactg aag atg gcg gct gct      55
                                   Met Ala Ala Ala
                                   1

gta gga cgg ttg ctc cga gcg tcg gtt gcc cga cat gtg agt gcc att      103
Val Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Val Ala Arg His Val Ser Ala Ile
5                               10                               15                               20

cct tgg ggc att tct gcc act gca gcc ctc agg cct gct gca tgt gga      151
Pro Trp Gly Ile Ser Ala Thr Ala Ala Leu Arg Pro Ala Ala Cys Gly
                               25                               30                               35

aga acg agc ttg aca aat tta ttg tgt tct ggt tcc agt caa gca aaa      199
Arg Thr Ser Leu Thr Asn Leu Leu Cys Ser Gly Ser Ser Gln Ala Lys
                               40                               45                               50

tta ttc agc acc agt tcc tca tgc cat gca cct gct gtc acc cag cat      247
Leu Phe Ser Thr Ser Ser Ser Cys His Ala Pro Ala Val Thr Gln His
                               55                               60                               65

gca ccc tat ttt aag ggt aca gcc gtt gtc aat gga gag ttc aaa gac      295
Ala Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Ala Val Val Asn Gly Glu Phe Lys Asp
                               70                               75                               80

cta agc ctt gat gac ttt aag ggg aaa tat ttg gtg ctt ttc ttc tat      343
Leu Ser Leu Asp Asp Phe Lys Gly Lys Tyr Leu Val Leu Phe Phe Tyr
85                               90                               95                               100

cct ttg gat ttc acc ttt gtg tgt cct aca gaa att gtt gct ttt agt      391
Pro Leu Asp Phe Thr Phe Val Cys Pro Thr Glu Ile Val Ala Phe Ser
                               105                               110                               115

gac aaa gct aac gaa ttt cac gac gtg aac tgt gaa gtt gtc gca gtc      439
Asp Lys Ala Asn Glu Phe His Asp Val Asn Cys Glu Val Val Ala Val
                               120                               125                               130

tca gtg gat tcc cac ttt agc cat ctt gcc tgg ata aat aca cca agg      487
Ser Val Asp Ser His Phe Ser His Leu Ala Trp Ile Asn Thr Pro Arg
                               135                               140                               145

aag aat ggt ggt ttg ggc cac atg aac atc gca ctc ttg tca gac tta      535
Lys Asn Gly Gly Leu Gly His Met Asn Ile Ala Leu Leu Ser Asp Leu
                               150                               155                               160

act aag cag att tcc cga gac tac ggt gtg ctg tta gaa ggt tct ggt      583
Thr Lys Gln Ile Ser Arg Asp Tyr Gly Val Leu Leu Glu Gly Ser Gly
                               180/201

```

165	170	175	180	
ctt gca cta aga ggt ctc ttc ata att gac ccc aat gga gtc atc aag				631
Leu Ala Leu Arg Gly Leu Phe Ile Ile Asp Pro Asn Gly Val Ile Lys				
	185	190	195	
cat ttg agc gtc aac gat ctc cca gtg ggc cga agc gtg gaa gaa acc				679
His Leu Ser Val Asn Asp Leu Pro Val Gly Arg Ser Val Glu Glu Thr				
	200	205	210	
ctc cgc ttg gtg aag gcg ttc cag tat gta gaa aca cat gga gaa gtc				727
Leu Arg Leu Val Lys Ala Phe Gln Tyr Val Glu Thr His Gly Glu Val				
	215	220	225	
tgc cca gcg aac tgg aca ccg gat tct cct acg atc aag cca agt cca				775
Cys Pro Ala Asn Trp Thr Pro Asp Ser Pro Thr Ile Lys Pro Ser Pro				
	230	235	240	
gct gct tcc aaa gag tac ttt cag aag gta aat cag tag atcacccatg				824
Ala Ala Ser Lys Glu Tyr Phe Gln Lys Val Asn Gln				
	245	250	255	
tgtatctgca cctttctcaac tgagagaaga accacagttg aaacctgctt ttatcatttt				884
caagatgggtt atttgtagaa ggcaaggaac caattatgct tgtattcata agtattactc				944
taaatgtttt gtttttgtaa ttctggctaa gaccttttaa acatgggttag ttgctagtac				1004
aaggaatcct ttattggtaa catcttggtg gctggctagc tagttttctac agaacataat				1064
ttgcctctat agaaggctat tcttagatca tgtctcaatg gaaacactct tctttcttag				1124
ccttacttga atcttgccta taataaagta gagcaacaca cattgaaagc ttctgatcaa				1184
cggtcctgaa attttcatct tgaatgtctt tgtattaaac tgaattttct tttaagctaa				1244
caaagatcat aattttcaat gattagccgt gtaactcctg caatgaatgt ttatgtgatt				1304
gaagcaaatg tgaatcgat tattttaaaa agtggcagag tgacttaact gatcatgcat				1364
gatccctcat ccctgaaatt gagtttatgt agtcatttta cttattttat tcattagcta				1424
actttgtcta tgtatatttc tagatattga ttagtgtaat cgattataaa ggatatttat				1484
caaatccagg gattgcattt tgaaattata attattttct ttgctgaagt attcattgta				1544
aaacatacaa aataaacata ttttaaaaca tttgcatttt accacca				1591

<211> 256
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 65

Met Ala Ala Ala Val Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Val Ala Arg His
 1 5 10 15

Val Ser Ala Ile Pro Trp Gly Ile Ser Ala Thr Ala Ala Leu Arg Pro
 20 25 30

Ala Ala Cys Gly Arg Thr Ser Leu Thr Asn Leu Leu Cys Ser Gly Ser
 35 40 45

Ser Gln Ala Lys Leu Phe Ser Thr Ser Ser Ser Cys His Ala Pro Ala
 50 55 60

Val Thr Gln His Ala Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Ala Val Val Asn Gly
 65 70 75 80

Glu Phe Lys Asp Leu Ser Leu Asp Asp Phe Lys Gly Lys Tyr Leu Val
 85 90 95

Leu Phe Phe Tyr Pro Leu Asp Phe Thr Phe Val Cys Pro Thr Glu Ile
 100 105 110

Val Ala Phe Ser Asp Lys Ala Asn Glu Phe His Asp Val Asn Cys Glu
 115 120 125

Val Val Ala Val Ser Val Asp Ser His Phe Ser His Leu Ala Trp Ile
 130 135 140

Asn Thr Pro Arg Lys Asn Gly Gly Leu Gly His Met Asn Ile Ala Leu
 145 150 155 160

Leu Ser Asp Leu Thr Lys Gln Ile Ser Arg Asp Tyr Gly Val Leu Leu
 165 170 175

Glu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Arg Gly Leu Phe Ile Ile Asp Pro Asn
 180 185 190

Gly Val Ile Lys His Leu Ser Val Asn Asp Leu Pro Val Gly Arg Ser
 195 200 205

Val Glu Glu Thr Leu Arg Leu Val Lys Ala Phe Gln Tyr Val Glu Thr
 210 215 220

His Gly Glu Val Cys Pro Ala Asn Trp Thr Pro Asp Ser Pro Thr Ile
 225 230 235 240

Lys Pro Ser Pro Ala Ala Ser Lys Glu Tyr Phe Gln Lys Val Asn Gln
 245 250 255

<210> 66
 <211> 1224
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (70)..(1041)
 <223>

<400> 66
 gccattgtt tttgtaatct ctgaggagaa gcagcagcaa acatttgcta gtcagacaag 60

tgacaggga atg gat tcc aaa cac cag tgt gta aag cta aat gat ggc cac 111
 Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His
 1 5 10

ttc atg cct gta ttg gga ttt ggc acc tat gca cct cca gag gtt ccg 159
 Phe Met Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro
 15 20 25 30

aga agt aaa gct ttg gag gtc aca aaa tta gca ata gaa gct ggg ttc 207
 Arg Ser Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe
 35 40 45

cgc cat ata gat tct gct cat tta tac aat aat gag gag cag gtt gga 255
 Arg His Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly
 50 55 60

ctg gcc atc cga agc aag att gca gat ggc agt gtg aag aga gaa gac 303
 183/201

Leu	Ala	Ile	Arg	Ser	Lys	Ile	Ala	Asp	Gly	Ser	Val	Lys	Arg	Glu	Asp		
	65						70					75					
ata	ttc	tac	act	tca	aag	ctt	tgg	tcc	act	ttt	cat	cga	cca	gag	ttg	351	
Ile	Phe	Tyr	Thr	Ser	Lys	Leu	Trp	Ser	Thr	Phe	His	Arg	Pro	Glu	Leu		
	80					85					90						
gtc	cga	cca	gcc	ttg	gaa	aac	tca	ctg	aag	aaa	gct	caa	ttg	gac	tat	399	
Val	Arg	Pro	Ala	Leu	Glu	Asn	Ser	Leu	Lys	Lys	Ala	Gln	Leu	Asp	Tyr		
95					100					105				110			
gtt	gac	ctc	tat	ctt	att	cat	tct	cca	atg	tct	cta	aag	cca	ggt	gag	447	
Val	Asp	Leu	Tyr	Leu	Ile	His	Ser	Pro	Met	Ser	Leu	Lys	Pro	Gly	Glu		
				115					120					125			
gaa	ctt	tca	cca	aca	gat	gaa	aat	gga	aaa	gta	ata	ttt	gac	ata	gtg	495	
Glu	Leu	Ser	Pro	Thr	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ile	Phe	Asp	Ile	Val		
			130					135					140				
gat	ctc	tgt	acc	acc	tgg	gag	gcc	atg	gag	aag	tgt	aag	gat	gca	gga	543	
Asp	Leu	Cys	Thr	Thr	Trp	Glu	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	Asp	Ala	Gly		
		145					150					155					
ttg	gcc	aag	tcc	att	ggg	gtg	tca	aac	ttc	aac	cgc	agg	cag	ctg	gag	591	
Leu	Ala	Lys	Ser	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Asn	Arg	Arg	Gln	Leu	Glu		
	160					165					170						
atg	atc	ctc	aac	aag	cca	gga	ctc	aag	tac	aag	cct	gtc	tgc	aac	cag	639	
Met	Ile	Leu	Asn	Lys	Pro	Gly	Leu	Lys	Tyr	Lys	Pro	Val	Cys	Asn	Gln		
175					180					185				190			
gta	gaa	tgt	cat	ccg	tat	ttc	aac	cgg	agt	aaa	ttg	cta	gat	ttc	tgc	687	
Val	Glu	Cys	His	Pro	Tyr	Phe	Asn	Arg	Ser	Lys	Leu	Leu	Asp	Phe	Cys		
				195					200					205			
aag	tgc	aaa	gat	att	gtt	ctg	gtt	gcc	tat	agt	gct	ctg	gga	tct	caa	735	
Lys	Ser	Lys	Asp	Ile	Val	Leu	Val	Ala	Tyr	Ser	Ala	Leu	Gly	Ser	Gln		
			210					215					220				
cga	gac	aaa	cga	tgg	gtg	gac	ccg	aac	tcc	ccg	gtg	ctc	ttg	gag	gac	783	
Arg	Asp	Lys	Arg	Trp	Val	Asp	Pro	Asn	Ser	Pro	Val	Leu	Leu	Glu	Asp		
		225					230					235					
cca	gtc	ctt	tgt	gcc	ttg	gca	aaa	aag	cac	aag	cga	acc	cca	gcc	ctg	831	
Pro	Val	Leu	Cys	Ala	Leu	Ala	Lys	Lys	His	Lys	Arg	Thr	Pro	Ala	Leu		
	240					245					250						
att	gcc	ctg	cgc	tac	cag	ctg	cag	cgt	ggg	gtt	gtg	gtc	ctg	gcc	aag	879	
Ile	Ala	Leu	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Arg	Gly	Val	Val	Val	Leu	Ala	Lys		
255					260					265				270			

agc tac aat gag cag cgc atc aga cag aac gtg cag gtt ttt gag ttc 927
 Ser Tyr Asn Glu Gln Arg Ile Arg Gln Asn Val Gln Val Phe Glu Phe
 275 280 285
 cag ttg act gca gag gac atg aaa gcc ata gat ggc cta gac aga aat 975
 Gln Leu Thr Ala Glu Asp Met Lys Ala Ile Asp Gly Leu Asp Arg Asn
 290 295 300
 ctc cac tat ttt aac agt gat agt ttt gct agc cac cct aat tat cca 1023
 Leu His Tyr Phe Asn Ser Asp Ser Phe Ala Ser His Pro Asn Tyr Pro
 305 310 315
 tat tca gat gaa tat taa catggagggc ttgacctgat gtctaccaga 1071
 Tyr Ser Asp Glu Tyr
 320
 agccctgtgt gtggatgggtg acgcagagga cgtctctatg ccggtgactg gacatatcac 1131
 ctctacttaa atccgtcctg tttagcgact tcagtcaact acagctgagt ccataggcca 1191
 gaaagacaat aaatttttat cattttgaaa taa 1224

<210> 67
 <211> 323
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 67

Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His Phe Met
 1 5 10 15

Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro Arg Ser
 20 25 30

Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe Arg His
 35 40 45

Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly Leu Ala
 50 55 60

Ile Arg Ser Lys Ile Ala Asp Gly Ser Val Lys Arg Glu Asp Ile Phe
 65 70 75 80

Tyr Thr Ser Lys Leu Trp Ser Thr Phe His Arg Pro Glu Leu Val Arg
85 90 95

Pro Ala Leu Glu Asn Ser Leu Lys Lys Ala Gln Leu Asp Tyr Val Asp
100 105 110

Leu Tyr Leu Ile His Ser Pro Met Ser Leu Lys Pro Gly Glu Glu Leu
115 120 125

Ser Pro Thr Asp Glu Asn Gly Lys Val Ile Phe Asp Ile Val Asp Leu
130 135 140

Cys Thr Thr Trp Glu Ala Met Glu Lys Cys Lys Asp Ala Gly Leu Ala
145 150 155 160

Lys Ser Ile Gly Val Ser Asn Phe Asn Arg Arg Gln Leu Glu Met Ile
165 170 175

Leu Asn Lys Pro Gly Leu Lys Tyr Lys Pro Val Cys Asn Gln Val Glu
180 185 190

Cys His Pro Tyr Phe Asn Arg Ser Lys Leu Leu Asp Phe Cys Lys Ser
195 200 205

Lys Asp Ile Val Leu Val Ala Tyr Ser Ala Leu Gly Ser Gln Arg Asp
210 215 220

Lys Arg Trp Val Asp Pro Asn Ser Pro Val Leu Leu Glu Asp Pro Val
225 230 235 240

Leu Cys Ala Leu Ala Lys Lys His Lys Arg Thr Pro Ala Leu Ile Ala
245 250 255

Leu Arg Tyr Gln Leu Gln Arg Gly Val Val Val Leu Ala Lys Ser Tyr
260 265 270

Asn Glu Gln Arg Ile Arg Gln Asn Val Gln Val Phe Glu Phe Gln Leu
186/201

275

280

285

Thr Ala Glu Asp Met Lys Ala Ile Asp Gly Leu Asp Arg Asn Leu His
 290 295 300

Tyr Phe Asn Ser Asp Ser Phe Ala Ser His Pro Asn Tyr Pro Tyr Ser
 305 310 315 320

Asp Glu Tyr

<210> 68
 <211> 1715
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (37).. (591)
 <223>

<400> 68
 ccgtgctctg cctcctgtgt tccagggact ttgaac atg tcg ggg atc gcc ctc 54
 Met Ser Gly Ile Ala Leu
 1 5

agc aga ctc gcc cag gag agg aaa gca tgg agg aaa gac cac cca ttt 102
 Ser Arg Leu Ala Gln Glu Arg Lys Ala Trp Arg Lys Asp His Pro Phe
 10 15 20

ggt ttc gtg gct gtc cca aca aaa aat ccc gat ggc acg atg aac ctc 150
 Gly Phe Val Ala Val Pro Thr Lys Asn Pro Asp Gly Thr Met Asn Leu
 25 30 35

atg aac tgg gag tgc gcc att cca gga aag aaa ggg act ccg tgg gaa 198
 Met Asn Trp Glu Cys Ala Ile Pro Gly Lys Lys Gly Thr Pro Trp Glu
 40 45 50

gga ggc ttg ttt aaa cta cgg atg ctt ttc aaa gat gat tat cca tct 246
 Gly Gly Leu Phe Lys Leu Arg Met Leu Phe Lys Asp Asp Tyr Pro Ser
 55 60 65 70

tcg cca cca aaa tgt aaa ttc gaa cca cca tta ttt cac ccg aat gtg 294
 Ser Pro Pro Lys Cys Lys Phe Glu Pro Pro Leu Phe His Pro Asn Val
 75 80 85

tac cct tcg ggg aca gtg tgc ctg tcc atc tta gag gag gac aag gac	342
Tyr Pro Ser Gly Thr Val Cys Leu Ser Ile Leu Glu Glu Asp Lys Asp	
90 95 100	
tgg agg cca gcc atc aca atc aaa cag atc cta tta gga ata cag gaa	390
Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile Leu Leu Gly Ile Gln Glu	
105 110 115	
ctt cta aat gaa cca aat atc caa gac cca gct caa gca gag gcc tac	438
Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro Ala Gln Ala Glu Ala Tyr	
120 125 130	
acg att tac tgg tta gta gca gcc ctg gcc ccg ctg gtg gca gct cct	486
Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala Pro Leu Val Ala Ala Pro	
135 140 145 150	
ccc cgt ccc agc caa ggc cgc ctg gca gga cgg gag tgg agc aca cag	534
Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly Arg Glu Trp Ser Thr Gln	
155 160 165	
gct cac cct agg gac agc cag ggt ccg cgc ctc tgt ggg gaa ggt cgg	582
Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg Leu Cys Gly Glu Gly Arg	
170 175 180	
ggg gca taa accctgtggg cagcaggcac cgttgccacac cgtctgcggt	631
Gly Ala	
gggcatggat ggcgccggag ccgtgtccag gggagggagc aggccaggtg acaggggctg	691
tcttgggcca ctgccccagt gagttgtggc cagctaggag gggaaggacc ctgggcgtgg	751
gtgccagagg aggccatgct gagaggcctc tccaccggct cagcctcccg tggaccccag	811
cctcccgccg cgcccttget gcttgtcccc atccctcta caacttggtt ccttctgtgg	871
gggggcccag cccagcaggg ctcaagtacg tgatgctgtc acacggaccc tgggcttcca	931
ccctgtccct gtgaggtgct gctgtggcta gaagggtccc cgtgggcctg gggtcctgtc	991
tgcaccgagg agggcctggt gtgagttagg atgcagacga cagccaaaca gtgctgggga	1051
aagcaggag gaccctgccc tgagcagagg ccatgcgccc gcctgtcctg ttccctctgc	1111
agctgttctg ggcaggtcca taagaaggtg gggtggggcc tccgaccccc actgctccgc	1171
ctgcagggtt gagaaaccca gccccatctc accacgggtc cccacacctc tgaggaggtc	1231
tcagggccccc caatggccag ggacccagaa ggctcacctg cagccacccc acacatccct	1291

```

gccactgtgg gcatcagagg ccctctccct ccagggtgca tctcctggtc aggagggggg 1351
aggccccggtt gccttaggcc cggcctgcac aggtcgtgag gaaaagcacc tggtttcggc 1411
cgggcgcggt ggctcacgct tgtaatccca gcactttggg aggccgaggt gggcgaatca 1471
tgcggtcagg agttcgagac cagcctggcc aacatggcga aaccctcgtc cctactaaaa 1531
atacaaaaaa ttagttgggc gtagtggtgg gtgcctctaa tcccagctac ctgggaggct 1591
gagacaggag aatcacttga acccgggagg cggaggttgc agtgagccga gacacctcca 1651
ctgctctcca gcctggcgac ggaggaatgc tgtctcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1711
aaaa 1715

```

<210> 69
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 69

```

Met Ser Gly Ile Ala Leu Ser Arg Leu Ala Gln Glu Arg Lys Ala Trp
1           5           10           15

```

```

Arg Lys Asp His Pro Phe Gly Phe Val Ala Val Pro Thr Lys Asn Pro
          20           25           30

```

```

Asp Gly Thr Met Asn Leu Met Asn Trp Glu Cys Ala Ile Pro Gly Lys
          35           40           45

```

```

Lys Gly Thr Pro Trp Glu Gly Gly Leu Phe Lys Leu Arg Met Leu Phe
          50           55           60

```

```

Lys Asp Asp Tyr Pro Ser Ser Pro Pro Lys Cys Lys Phe Glu Pro Pro
65           70           75           80

```

```

Leu Phe His Pro Asn Val Tyr Pro Ser Gly Thr Val Cys Leu Ser Ile
          85           90           95

```

```

Leu Glu Glu Asp Lys Asp Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile
          100          105          110

```

189/201

Leu Leu Gly Ile Gln Glu Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro
 115 120 125

Ala Gln Ala Glu Ala Tyr Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala
 130 135 140

Pro Leu Val Ala Ala Pro Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly
 145 150 155 160

Arg Glu Trp Ser Thr Gln Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg
 165 170 175

Leu Cys Gly Glu Gly Arg Gly Ala
 180

<210> 70
 <211> 1327
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (100).. (966)
 <223>

<400> 70
 ctctctctcg cgcggggcgg gctccgcgcc acgtgactcc gcggccgggc cgggacgcga 60

cgggacgcgc tgggaccggc gtcgggggtc gcggggacc atg cag cgg agg tgg 114
 Met Gln Arg Arg Trp
 1 5

gtc ttc gtg ctg ctc gac gtg ctg tgc tta ctg gtc gcc tcc ctg ccc 162
 Val Phe Val Leu Leu Asp Val Leu Cys Leu Leu Val Ala Ser Leu Pro
 10 15 20

ttc gct atc ctg acg ctg gtg aac gcc ccg tac aag cga gga ttt tac 210
 Phe Ala Ile Leu Thr Leu Val Asn Ala Pro Tyr Lys Arg Gly Phe Tyr
 25 30 35

tgc ggg gat gac tcc atc cgg tac ccc tac cgt cca gat acc atc acc 258
 Cys Gly Asp Asp Ser Ile Arg Tyr Pro Tyr Arg Pro Asp Thr Ile Thr
 40 45 50

cac ggg ctc atg gct ggg gtc acc atc acg gcc acc gtc atc ctt gtc His Gly Leu Met Ala Gly Val Thr Ile Thr Ala Thr Val Ile Leu Val 55 60 65	306
tcg gcc ggg gaa gcc tac ctg gtg tac aca gac cgg ctc tat tct cgc Ser Ala Gly Glu Ala Tyr Leu Val Tyr Thr Asp Arg Leu Tyr Ser Arg 70 75 80 85	354
tcg gac ttc aac aac tac gtg gct gct gta tac aag gtg ctg ggg acc Ser Asp Phe Asn Asn Tyr Val Ala Ala Val Tyr Lys Val Leu Gly Thr 90 95 100	402
ttc ctg ttt ggg gct gcc gtg agc cag tct ctg aca gac ctg gcc aag Phe Leu Phe Gly Ala Ala Val Ser Gln Ser Leu Thr Asp Leu Ala Lys 105 110 115	450
tac atg att ggg cgt ctg agg ccc aac ttc cta gcc gtc tgc gac ccc Tyr Met Ile Gly Arg Leu Arg Pro Asn Phe Leu Ala Val Cys Asp Pro 120 125 130	498
gac tgg agc cgg gtc aac tgc tcg gtc tat gtg cag ctg gag aag gtg Asp Trp Ser Arg Val Asn Cys Ser Val Tyr Val Gln Leu Glu Lys Val 135 140 145	546
tgc agg gga aac cct gct gat gtc acc gag gcc agg ttg tct ttc tac Cys Arg Gly Asn Pro Ala Asp Val Thr Glu Ala Arg Leu Ser Phe Tyr 150 155 160 165	594
tcg gga cac tct tcc ttt ggg atg tac tgc atg gtg ttc ttg gcg ctg Ser Gly His Ser Ser Phe Gly Met Tyr Cys Met Val Phe Leu Ala Leu 170 175 180	642
tat gtg cag gca cga ctc tgt tgg aag tgg gca cgg ctg ctg cga ccc Tyr Val Gln Ala Arg Leu Cys Trp Lys Trp Ala Arg Leu Leu Arg Pro 185 190 195	690
aca gtc cag ttc ttc ctg gtg gcc ttt gcc ctc tac gtg ggc tac acc Thr Val Gln Phe Phe Leu Val Ala Phe Ala Leu Tyr Val Gly Tyr Thr 200 205 210	738
cgc gtg tct gat tac aaa cac cac tgg agc gat gtc ctt gtt ggc ctc Arg Val Ser Asp Tyr Lys His His Trp Ser Asp Val Leu Val Gly Leu 215 220 225	786
ctg cag ggg gca ctg gtg gct gcc ctc act gtc tgc tac atc tca gac Leu Gln Gly Ala Leu Val Ala Ala Leu Thr Val Cys Tyr Ile Ser Asp 230 235 240 245	834
ttc ttc aaa gcc cga ccc cca cag cac tgt ctg aag gag gag gag ctg 191/201	882

Phe Phe Lys Ala Arg Pro Pro Gln His Cys Leu Lys Glu Glu Glu Leu
 250 255 260
 gaa cgg aag ccc agc ctg tca ctg acg ttg acc ctg ggc gag gct gac 930
 Glu Arg Lys Pro Ser Leu Ser Leu Thr Leu Thr Leu Gly Glu Ala Asp
 265 270 275
 cac aac cac tat gga tac ccg cac tcc tcc tcc tga ggccggaccc 976
 His Asn His Tyr Gly Tyr Pro His Ser Ser Ser
 280 285
 cgcccaggca gggagctgct gtgagtccag ctgaggccca cccaggtggt ccctccagcc 1036
 ctggtttaggc actgagggtct ctggacgggc tccaggaacc ctgggctgat gggagcagtg 1096
 agcgggctcc gctgccccct gccctgcact ggaccaggag tctggagatg cctgggtagc 1156
 cctcagcatt tggaggggaa cctgttcccg tcggtcccca aatatccct tctttttatg 1216
 gggttaagga agggaccgag agatcagata gttgctgttt tgtaaaatgt aatgtatatg 1276
 tggtttttag taaaataggg cacctgtttc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1327

<210> 71
 <211> 288
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 71

Met Gln Arg Arg Trp Val Phe Val Leu Leu Asp Val Leu Cys Leu Leu
 1 5 10 15

Val Ala Ser Leu Pro Phe Ala Ile Leu Thr Leu Val Asn Ala Pro Tyr
 20 25 30

Lys Arg Gly Phe Tyr Cys Gly Asp Asp Ser Ile Arg Tyr Pro Tyr Arg
 35 40 45

Pro Asp Thr Ile Thr His Gly Leu Met Ala Gly Val Thr Ile Thr Ala
 50 55 60

Thr Val Ile Leu Val Ser Ala Gly Glu Ala Tyr Leu Val Tyr Thr Asp
 65 70 75 80

Arg Leu Tyr Ser Arg Ser Asp Phe Asn Asn Tyr Val Ala Ala Val Tyr
85 90 95

Lys Val Leu Gly Thr Phe Leu Phe Gly Ala Ala Val Ser Gln Ser Leu
100 105 110

Thr Asp Leu Ala Lys Tyr Met Ile Gly Arg Leu Arg Pro Asn Phe Leu
115 120 125

Ala Val Cys Asp Pro Asp Trp Ser Arg Val Asn Cys Ser Val Tyr Val
130 135 140

Gln Leu Glu Lys Val Cys Arg Gly Asn Pro Ala Asp Val Thr Glu Ala
145 150 155 160

Arg Leu Ser Phe Tyr Ser Gly His Ser Ser Phe Gly Met Tyr Cys Met
165 170 175

Val Phe Leu Ala Leu Tyr Val Gln Ala Arg Leu Cys Trp Lys Trp Ala
180 185 190

Arg Leu Leu Arg Pro Thr Val Gln Phe Phe Leu Val Ala Phe Ala Leu
195 200 205

Tyr Val Gly Tyr Thr Arg Val Ser Asp Tyr Lys His His Trp Ser Asp
210 215 220

Val Leu Val Gly Leu Leu Gln Gly Ala Leu Val Ala Ala Leu Thr Val
225 230 235 240

Cys Tyr Ile Ser Asp Phe Phe Lys Ala Arg Pro Pro Gln His Cys Leu
245 250 255

Lys Glu Glu Glu Leu Glu Arg Lys Pro Ser Leu Ser Leu Thr Leu Thr
260 265 270

Leu Gly Glu Ala Asp His Asn His Tyr Gly Tyr Pro His Ser Ser Ser
193/201

275	280	285
<210> 72		
<211> 2980		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<220>		
<221> CDS		
<222> (274).. (519)		
<223>		
<220>		
<221> misc_feature		
<222> (2974).. (2974)		
<223> n = a, t, g or c		
<400> 72		
ggccgctcct gctgctgcta ctgccgccgc cgcagcgggt gctcgggctg agcacgcccc	60	
ggaacaggcc gccgcgcgct gcgcgccgga cccgctgccc ctgccggccc ggccgggtcg	120	
ggcggcccag ggaccgacag acttgacaac ggtgacagca ctggggcggc accttcctac	180	
ttctgcccag ccacagccct cccctcacag ttgagcacct gtttgctga agttaatttc	240	
cagaagcagg agtccccaga gccaggcagg ggg atg aac cgc gag gga gct ccc	294	
Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro		
1 5		
ggg aag agt ccg gag gag atg tac att cag cag aag gtc cga gtg ctg	342	
Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile Gln Gln Lys Val Arg Val Leu		
10 15 20		
ctc atg ctg cgg aag atg gga tca aac ctg aca gcc agc gag gag gag	390	
Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu		
25 30 35		
ttc ctg cgc acc tat gca ggg gtg gtc aac agc cag ctc agc cag ctg	438	
Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu		
40 45 50 55		
cct ccg cac tcc atc gac cag ggt gca gag gac gtg gtg atg gcg ttt	486	
Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala Glu Asp Val Val Met Ala Phe		
60 65 70		
tcc agg tcg gag acg gaa gac cgg agg cag tag ctgcaaagcc cttggaacac	539	
Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg Gln		
194/201		

75

80

cctggatgct gttgaagggc caagagatct gtgtggctcc tgggccggct gaatggcagc 599
 agccccctt gcccacctc ccccttcctt acccaaccct gccctgcccc accccacctc 659
 acagctactc agtggggctg gcatcaaggg agacaccagt ggtgcgttta taattggctt 719
 aaagggatgg acttgtgatt ggctgcagga agaaactttt ttatttttta aatcttgacc 779
 aacagaaacc ttttattttt atttctgact cttatttttt aaaaaatttg cgcctcggta 839
 tctggcttcc ctggaagctc tccgagctct ggtgctttag ttaggtcatt tttttagaaa 899
 tgtgaagagg tctgattggc tgcttaaact ggaaaggac tgtgattggc tggttaatgg 959
 gaaacggttt ttttctttgg ctgcagggtg tctgctgata tcaacagctt ccctattttg 1019
 aatgcagaaa acagggtctg ggacattagt cgttatattt gacttgaaaa gaaagaaacc 1079
 aagtgcgctt tgcaatatatt attacacaaa gaacttgctg ctgccttcac atttgggggtt 1139
 tgtgtttgat tggttttoga tgcgtgtgtt tggtttccca ttggttcacc tgtgactcct 1199
 gttgccatgg attcaccccc ctctgtgtcc ggctctgggc ctgagggtcc acctggagag 1259
 tacatttgct ttaatgagtg cacctgcctc caccagcaag gggaccccga gaacctgag 1319
 cagggtccac agctggaaag ttgggcccct gaggagcttt gtgtcgtctt gaacgagcag 1379
 cccagggcct agaggtaacc gttaggcggg atttatgtgc actgcctgca tgagctggca 1439
 accagccagc gtcccttggt gagaaaggga ttgctgaggc accgtccagg cccacccggc 1499
 caggccgcgc ccagcagagg cgtactaccc agctctgtcc tcttgccat ccttctgtgt 1559
 accatttctt gaggcctcat tttgggggtc atcttgaaa ggggaggagc ttctcccagt 1619
 gtgagacccc aaagactctg gaggtcatct ggcggaggtc tctgggagcc cagaaccac 1679
 ataaaagccc cagcttggtc cacaaggccc aggagacctc cagctaaaca ccaaccctg 1739
 acctaccca gccaggtcc tacctgtctg ctgccagcac agtaggtccc ggccagctct 1799
 ggagttctct catcgagggc ccatgccctc cactccactg cctttggaag ggtctctctc 1859
 caggtcagcc tggaaggac agtatcggtt gtttatgaaa tgccactggg acagctggct 1919
 gggccttcac caagcaagtc ccttcagact ggcccttaag ccaaactcag gcccagaatt 1979

gcagttcaga atggcagtc tggaggcagg gggtagggg caggtctagt gttcctgcac 2039
 caaacctaag tccttcacc tgccacccc ttccctggga gggaggtggt cctcctatct 2099
 ccctggctca ctggcaggtg tgggatctgg ggagagcggc tggagaaaga tgcagtcctc 2159
 aggaaggggg cgcaccct cccctatgct ggtagatgct gaggccccta ggtgccagg 2219
 gccagtggga ccctctcaga accaaatctt tcccctttct cggggcttgg ggctcgggcc 2279
 gtaggggctc ctgagtgtca tgaagtgcac aggagccaaa tgaccgagcc ctggagagcc 2339
 ccatgggtggg taggtgggtc gtgctgtgct ctggcaccat cagcctgttc cagaaggagg 2399
 attcagacat caggctaaga ccctgtgtcc tccaccatgc actcaccct agccctgggt 2459
 agctgacagt cagctgtggg gaacacagct acaaccctac cctggcaggg acctgagagc 2519
 atctcaggag gggcagcgca tgtgtgcatg tgctgtgtga gtgagcacac ccgtgtgcac 2579
 actatacac atgtgcacac acacgcactc tcccgcctca ggggcctgga ggtctggctg 2639
 agcccctggg gaaaggtgag ttctttcact tccctcctcc aggtcggagt gcctggagtc 2699
 aggtgtcgag gccacattgc tggctgcccc ctctttgtag ctctataaa gggcccacac 2759
 ctggtggata cctgggtgag cgtgtggtct ctgccccagc ctgtccttgt cagcatcaca 2819
 ggccttgctt ttgtaacaat gatgaccccg gcctgtctca tcttctgaag aggaaaagtc 2879
 aaagtgttgc tgtggtcca tatttcaact aaaaatatat ctgttggaga aagaaattaa 2939
 caataaagaa ttttcatagg ttaaaaaaaaa aaanaaaaaa g 2980

<210> 73

<211> 81

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 73

Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile
 1 5 10 15

Gln Gln Lys Val Arg Val Leu Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn
 20 25 30

Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val
 35 40 45

Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala
 50 55 60

Glu Asp Val Val Met Ala Phe Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg
 65 70 75 80

Gln

<210> 74
 <211> 2153
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (589)..(1356)
 <223>

<400> 74
 cagcggccgg gagggggctc cggggacat ggggctctg accattctga agaagatgaa 60
 gcagaaagag cgggagctgc gactgctcat gcttggcctg gacaatgctg gaaagacaac 120
 catcctgaag aagttcaatg gggaggacat cgacaccatc tccccaacgc tgggcttcaa 180
 catcaagacc ctggagcacc gaggattcaa gctgaacatc tgggatgtgg gtggccagaa 240
 gtccctgcgg tctactggc ggaactactt tgagagcacc gatggcctca tctgggtagt 300
 ggacagcgca gaccgccagc gcatgcagga ctgccagcgg gagctccaga gcctgctggt 360
 ggaggagtga cctgggttta cgttcacca cagagaagga acttttcaga cgctcccttg 420
 gccgcgcacc cgggatcgga acagcgtgt cacttgcgac aaaatcccta ggccagagga 480
 agaagagcgc aggctgggc gaggcggcgg cgggcggagg ctgggccgga ggggtgggga 540
 cggcgaggag gtggaggccg gcgctccgt cgcctccagc tcggtttc atg tcc cgc 597
 Met Ser Arg
 1
 cag gcg aag gat gac ttc ctg cgg cac tac aca gtg tcg gac ccc agg 645
 197/201

Gln	Ala	Lys	Asp	Asp	Phe	Leu	Arg	His	Tyr	Thr	Val	Ser	Asp	Pro	Arg		
5						10					15						
act	cac	ccc	aag	ggc	tac	acc	gag	tac	aaa	gta	acc	gcg	cag	ttc	atc		693
Thr	His	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Lys	Val	Thr	Ala	Gln	Phe	Ile		
20					25					30					35		
tca	aag	aag	gac	cca	gag	gat	gtc	aaa	gag	gtg	gtg	gtc	tgg	aag	cgg		741
Ser	Lys	Lys	Asp	Pro	Glu	Asp	Val	Lys	Glu	Val	Val	Val	Trp	Lys	Arg		
				40					45					50			
tac	agc	gac	ttc	cgc	aag	ctg	cat	gga	gac	ctg	gcc	tac	acc	cac	cgc		789
Tyr	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Leu	His	Gly	Asp	Leu	Ala	Tyr	Thr	His	Arg		
			55					60					65				
aac	ctc	ttc	cgc	cgc	ctc	gag	gag	ttc	cct	gct	ttc	ccc	cgg	gcc	cag		837
Asn	Leu	Phe	Arg	Arg	Leu	Glu	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Pro	Arg	Ala	Gln		
		70				75						80					
gtg	ttt	ggc	cgg	ttt	gaa	gcc	tca	gtg	atc	gag	gag	cgg	cga	aag	ggg		885
Val	Phe	Gly	Arg	Phe	Glu	Ala	Ser	Val	Ile	Glu	Glu	Arg	Arg	Lys	Gly		
	85				90					95							
gca	gag	gac	ctg	ctt	cgc	ttc	act	gtg	cac	ata	cct	gcg	ctc	aac	aac		933
Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Arg	Phe	Thr	Val	His	Ile	Pro	Ala	Leu	Asn	Asn		
100					105					110					115		
agc	ccc	cag	ctc	aag	gag	ttc	ttc	cgg	ggt	ggg	gag	gtg	acc	cga	ccc		981
Ser	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Phe	Phe	Arg	Gly	Gly	Glu	Val	Thr	Arg	Pro		
				120					125					130			
ttg	gag	gtg	tcc	agg	gac	cta	cac	atc	ctg	cca	ccc	cct	ctg	atc	ccc		1029
Leu	Glu	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	His	Ile	Leu	Pro	Pro	Pro	Leu	Ile	Pro		
			135					140					145				
acc	ccg	ccc	cct	gat	gac	ccc	cgg	cta	tcc	caa	ctg	ctc	cct	gca	gaa		1077
Thr	Pro	Pro	Pro	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Ser	Gln	Leu	Leu	Pro	Ala	Glu		
		150					155					160					
agg	agg	ggc	ctc	gag	gaa	ttg	gag	gtg	cca	gtg	gac	ccc	cca	cca	tcc		1125
Arg	Arg	Gly	Leu	Glu	Glu	Leu	Glu	Val	Pro	Val	Asp	Pro	Pro	Pro	Ser		
	165				170					175							
agc	cct	gcc	cag	gag	gcc	ctg	gat	ctc	ctc	ttt	aac	tgt	gag	agc	acc		1173
Ser	Pro	Ala	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Leu	Phe	Asn	Cys	Glu	Ser	Thr		
180					185					190					195		
gag	gag	gca	tct	ggt	tcc	cct	gcc	cga	ggc	ccc	ctc	acc	gag	gct	gag		1221
Glu	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser	Pro	Ala	Arg	Gly	Pro	Leu	Thr	Glu	Ala	Glu		
				200					205					210			

ctt gcc ctc ttc gac ccc ttc tcc aag ggt gac ccg ttg cct gcc cgc 1269
 Leu Ala Leu Phe Asp Pro Phe Ser Lys Gly Asp Pro Leu Pro Ala Arg
 215 220 225

cag gaa ggt gtg aag aag aag gca gct gag tac ctg aag cgg gca gag 1317
 Gln Glu Gly Val Lys Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys Arg Ala Glu
 230 235 240

gag atc ctg cgc ctg cac ctg tct caa ctc cca ccc taa cagggagtgg 1366
 Glu Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro
 245 250 255

gccattccct gggactctca ctctgtcact gccagcccct tctcctctcc ccagggcctg 1426
 gccctacctc ctgggtcttgt aattacagga gccatttctg taggtaactg gaccaagaat 1486
 gagaaaaata atgaattctt agctccctga ttacacctgc caccttggaa tccaggactc 1546
 acacttctga ccctgcctgt ctttttgggg tttttttgag ttggagtctc gctgtgtcgc 1606
 ccagactgga gtgcagtggg gggatcgagg ctcaactgcaa cctccacctc ccaggttcaa 1666
 gcagttctcc tgtctcagcc tccccagtag ctgagattgc aggcacatgc caccacgccc 1726
 agctaataatt ttgtattttc agtagggacg gggttacacc atgttggcca ggctgggtctc 1786
 gaactcctga cctcaagtga tccacccgcc tcagtctccc aaagtgtctga gattacaggc 1846
 atgagtcact acgcccggcc catgtctgtc tgtcttgatg tgtgagcagc agctgtggtc 1906
 attaaaccat tagttttacc ctctagaact ggggtctgca aactcccacc tgcagccaaa 1966
 tctggcccae ctctttttta atgtaagggc tgtgagagtg gtttttactt tttttaatga 2026
 ttaaaaaaat caaaataata ttctgtgaca atgacaggtg aaatttatat gtgacaagtg 2086
 aaaattatat gaaatttaag agtcataaaa taaaatttgt tggaacacaa aaaaaaaaaa 2146
 aaaaaaa 2153

<210> 75
 <211> 255
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 75

Met Ser Arg Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser
199/201

Glu Ala Glu Leu Ala Leu Phe Asp Pro Phe Ser Lys Gly Asp Pro Leu
210 215 220

Pro Ala Arg Gln Glu Gly Val Lys Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys
225 230 235 240

Arg Ala Glu Glu Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro
245 250 255

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2005/006222

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl.⁷ C12N15/09, A61K39/395, 45/00, 48/00, A61P35/00, C07K14/82,
C12Q1/68, G01N33/53, 33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl.⁷ C12N15/09, A61K39/395, 45/00, 48/00, A61P35/00, C07K14/82,
C12Q1/68, G01N33/53, 33/574

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Jitsuyo Shinan Koho 1922-1996 Jitsuyo Shinan Toroku Koho 1996-2005
Kokai Jitsuyo Shinan Koho 1971-2005 Toroku Jitsuyo Shinan Koho 1994-2005

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/Geneseq, CAPLUS (STN)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X <u>Y</u>	DE 19818619 A1 (Metagen Gesellschaft fur Genomforschung mbH), 28 October, 1999 (28.10.99), Claims; SEQ.ID.23,92 & WO 99/54447 A2 & EP 1073742 A2 & JP 2002-512023 A	1-17 <u>18-20</u>
Y	WO 2003/032814 A2 (RAVEN BIOTECHNOLOGIES, INC.), 24 April, 2003 (24.04.03), Claim 18 & JP 2005-511525 A & US 2003/108966 A1 & EP 1441766 A2	18-20



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

03 June, 2005 (03.06.05)

Date of mailing of the international search report

21 June, 2005 (21.06.05)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2005/006222

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 97/45445 A1 (Puroteomu Saiensizu PLC), 04 December, 1997 (04.12.97), & JP 2000-511536 A & EP 950062 A1 & US 2004/005645 A1	1-20
A	JP 7-51065 A (Japan Immuno Research Laboratories Co., Ltd.), 28 February, 1995 (28.02.95), (Family: none)	1-20
A	WO 2000/60073 A1 (Sumitomo Pharmaceuticals Co., Ltd.), 12 October, 2000 (12.10.00), (Family: none)	1-20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2005/006222

Box No. II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box No. III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

The polypeptides of SEQ ID NOS: 2, 4, 6, ... (omitted) ... 71, 73 and 75 claimed in claim 1 do not have any common chemical structure, and are common to each other in being a human solid cancer antigen polypeptide. However, the human solid cancer antigen polypeptide is a publicly known matter as described in Published Japanese Translation of PCT Patent Application 2000-511536. Therefore, it cannot be stated that the inventions relating to polypeptides of SEQ ID NOS: 2, 4, 6, ... (omitted) ... 71, 73 and 75 claimed in claim 1 constitute a group of inventions linked with each other so as to form a single general inventive concept, and it appears that the invention group consists of 36 inventions relating to varied 36 polypeptides.

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.: 1-20, specifically invention relating to SEQ ID NO: 2.

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int.Cl.⁷ C12N15/09, A61K39/395, 45/00, 48/00, A61P35/00, C07K14/82, C12Q1/68, G01N33/53, 33/574

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int.Cl.⁷ C12N15/09, A61K39/395, 45/00, 48/00, A61P35/00, C07K14/82, C12Q1/68, G01N33/53, 33/574

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

日本国実用新案公報	1922-1996年
日本国公開実用新案公報	1971-2005年
日本国実用新案登録公報	1996-2005年
日本国登録実用新案公報	1994-2005年

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/Geneseq, Caplus(STN)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X Y —	DE 19818619 A1 (Metagen Gesellschaft fur Genomforschung mbH) 1999. 10. 28、請求の範囲、SEQ. ID. 23, 92 & WO 99/54447 A2 & EP 1073742 A2 & JP 2002-512023 A	1-17 18-20
Y	WO 2003/032814 A2 (RAVEN BIOTECHNOLOGIES, INC.) 2003. 04. 24、請求の範囲 18 & JP 2005-511525 A & US 2003/108966 A1 & EP 1441766 A2	18-20
A	WO 97/45445 A1 (プロテオム サイエンスズ ピーエルシー)	1-20

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)
「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

03.06.2005

国際調査報告の発送日

21.06.2005

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

植原 克典

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

4B

9840

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
	1997. 12. 04 & JP 2000-511536 A & EP 950062 A1 & US 2004/005645 A1	
A	JP 7-51065 A (株式会社日本抗体研究所) 1995. 02. 28 (ファミリーなし)	1-20
A	WO 2000/60073 A1 (住友製薬株式会社) 2000. 10. 12 (ファミリーなし)	1-20

第II欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項 (PCT17条(2)(a)) の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査をすることを要しない対象に係るものである。
つまり、
2. ☐ 請求の範囲 _____ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第III欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

請求の範囲1に記載された配列番号2, 4, 6, . . . (中略) . . . 71, 73及び75に係るポリペプチドは共通の化学構造を有さず、ヒト固形癌抗原ポリペプチドであることのみ共通する。しかしながら、ヒト固形癌抗原ポリペプチドは、文献特表2000-511536号公報に公知の事項である。よって、請求の範囲1に記載された、配列番号2, 4, 6, . . . (中略) . . . 71, 73及び75それぞれに記載のポリペプチドに関する発明は、単一の一般的発明概念を形成するように連関している一群の発明であるとは言えず、異なった36個のポリペプチドに関する36個の発明からなる発明群であると認める。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☒ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。

請求の範囲1-20の配列番号2に係る発明

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。